

	F30 II-2		F30 II-3		F32 II-1		F60 II-1	
<i>p-ter</i>								
D1S2845	201	207	201	207	215	201	218	218
D1S2660	257	259	257	259	261	261	261	261
D1S2660_e	166	166	166	166	174	153	166	166
D1S2660_l	224	224	224	224	nd	nd	232	232
D1S2660_k	149	149	149	149	145	145	159	149
D1S2660_h	263	259	263	259	265	255	261	261
D1S2660_d	128	136	128	136	134	136	128	128
D1S2660_c	165	169	nd	nd	156	162	153	155
D1S2660_b	156	154	156	154	158	154	156	158
*D1E23	175	171	175	171	176	175	176	175
D1E22	123	123	123	123	121	121	125	123
D1S2660_q	149	149	149	149	149	149	148	149
**D1E19	266	266	266	266	268	272	nd	nd
D1S2795	219	219	219	219	217	217	212	217
D1S2660_i	178	170	170	170	178	170	173	173
D1E18	212	212	212	212	212	212	208	208
D1S2660_p	197	197	197	197	199	199	191	191
D1S2660_u	180	180	180	180	180	180	180	180
D1E17	243	243	243	243	235	235	242	242
D1S2660_a	nd	nd	117	117	127	127	115	115
D1S2660_r	191	191	191	191	193	193	191	191
D1E16	189	189	189	189	188	188	189	189
D1E15	126	126	126	126	138	138	128	126
D1E14	127	127	127	127	123	123	127	127
D1S2660_m	205	205	205	205	209	209	205	205
D1E13	168	168	168	168	174	174	174	174
D1S2633_g	236	236	236	236	263	263	248	246
D1S2633_e	206	206	206	206	206	206	206	206
D1E12	128	128	128	128	128	128	128	128
D1S2633_f	165	165	165	165	173	173	166	165
D1S2633_c	181	181	181	181	157	157	161	161
D1E11	142	142	nd	nd	149	142	140	140
D1S2633_a	140	140	140	140	140	140	148	140
D1E9	184	184	184	184	184	184	184	184
D1E8	180	180	180	180	180	180	186	180
D1E4	148	148	nd	nd	148	148	148	148
**D1S2870	206	208	208	208	206	200	207	190
D1S253	2	2	2	2	nd	nd	nd	nd
D1S2870_c	171	171	171	171	187	187	187	187
D1E3	127	127	127	127	131	131	131	131
*SNP-K1AA0720-Ex19	A	A	A	A	nd	nd	nd	nd
D1S2642_f	138	138	138	144	133	138	144	148
D1S2642_b	151	151	151	149	151	151	161	168
D1S2642	181	181	181	183	184	183	181	179
D1S214	122	122	122	122	138	138	142	142
D1S2663	191	199	201	183	189	189	192	185
<i>cen</i>								

Fig. 1

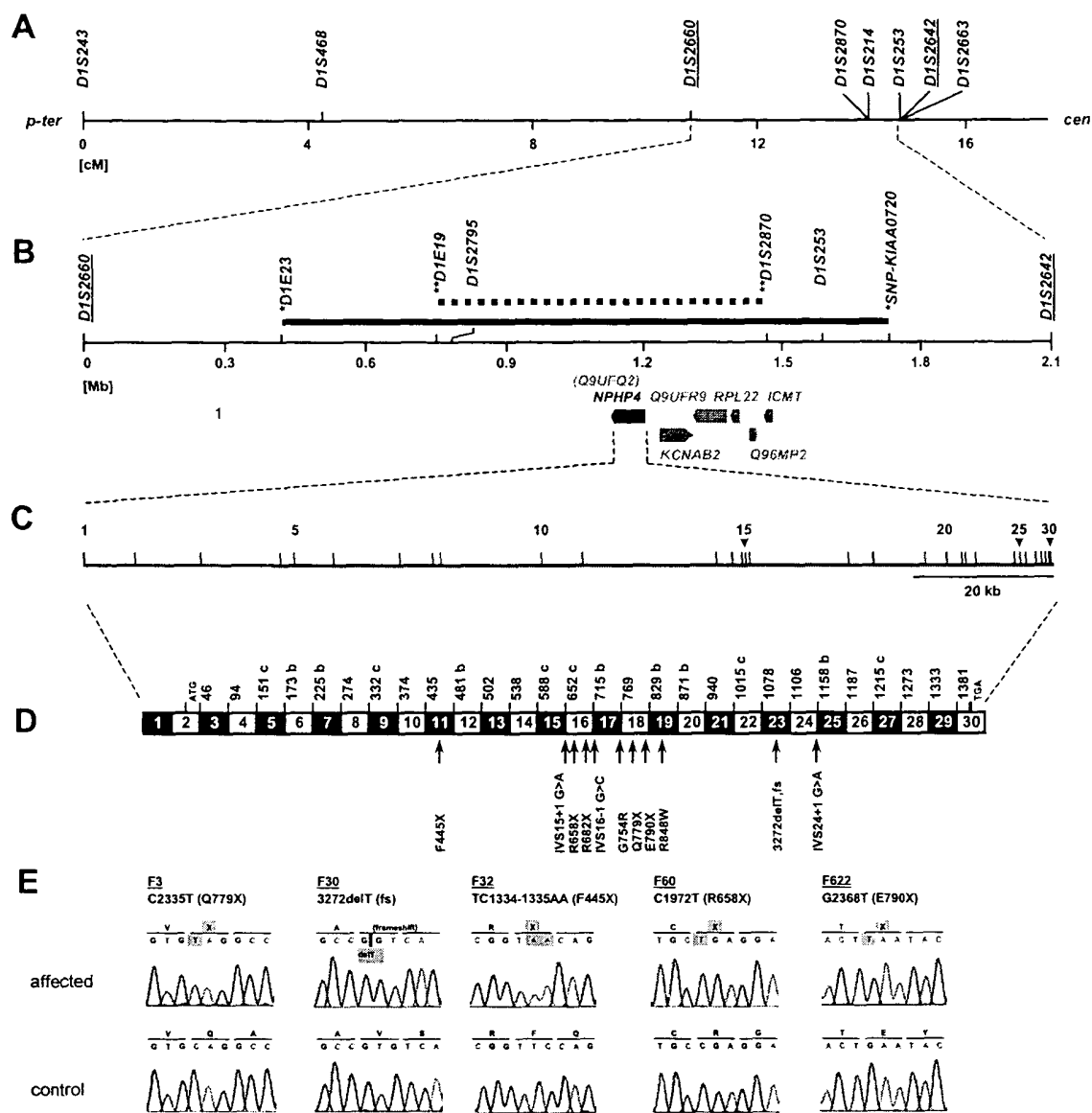


Fig. 2

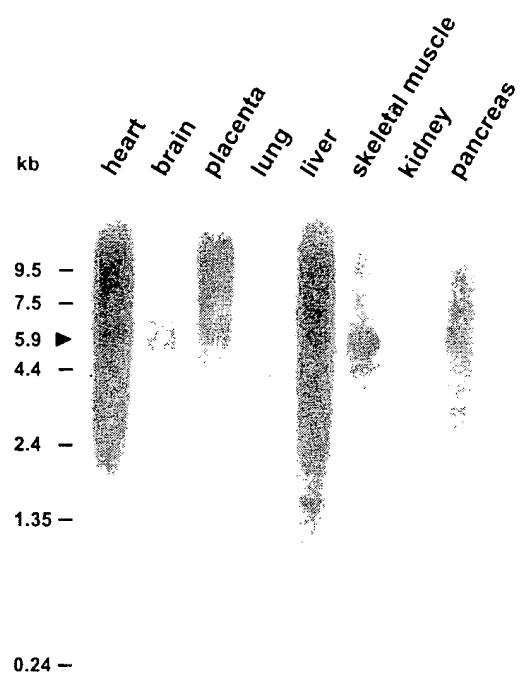
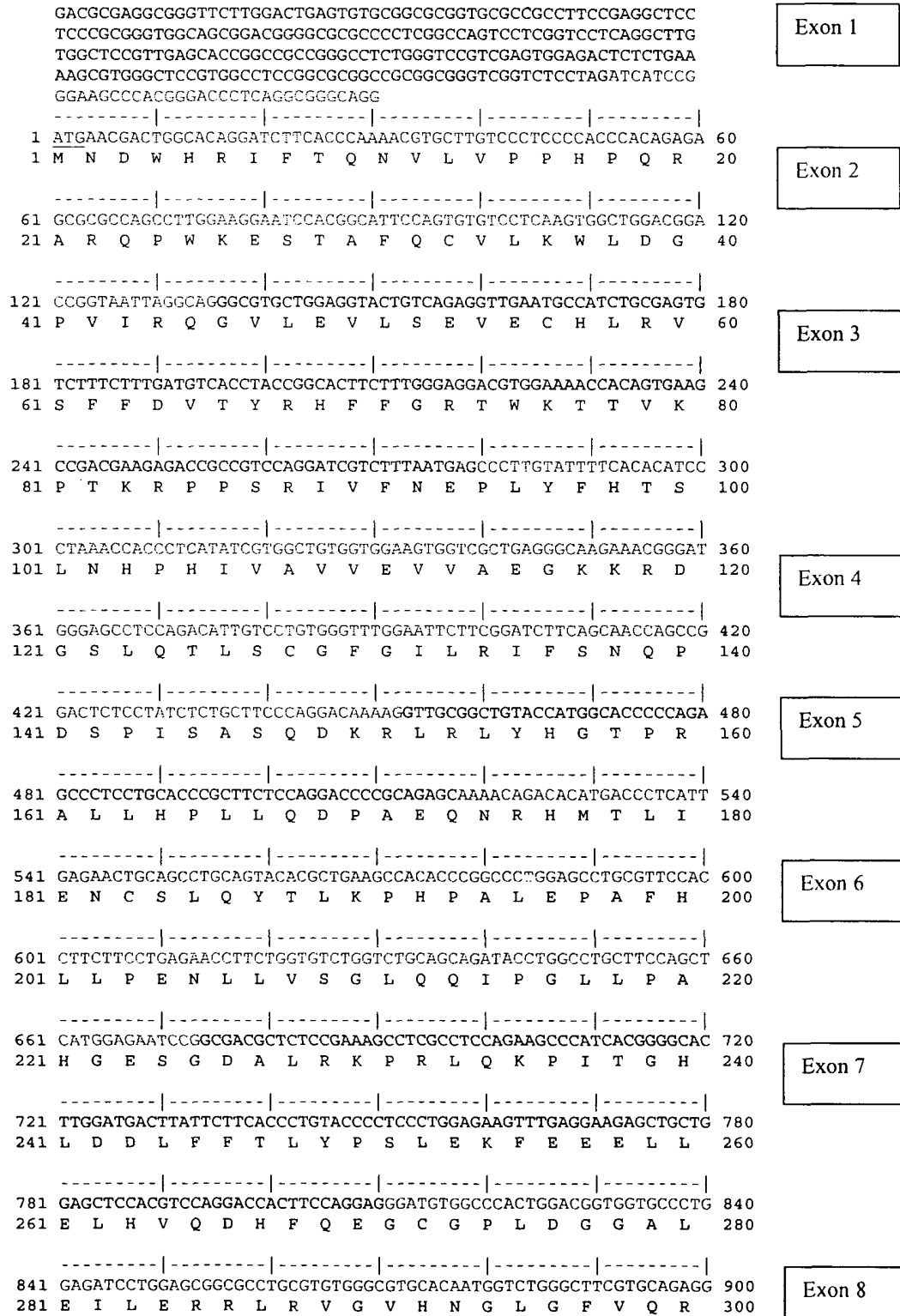


Fig. 3

Figure 4



```

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
901 CCGCAGGTCGTTGTACTGGTGCCTGAGATGGATGTGGCCTTGACGCGCTCAGCTAGCTTC 960
301 P Q V V V L V P E M D V A L T R S A S F 320

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
961 AGCAGGAAAGTGGTCTCCTCTTCCAAGACCAGCTCCGGGAGCCAAGCTCTGGTTTGA 1020
321 S R K V V S S S K T S S G S Q A L V L R 340

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1021 AGCCGCTCCGCTCCAGAGATGGTCGGCCACCCTGCATTTGCGGTCATCTTCCAGCTG 1080
341 S R L R L P E M V G H P A F A V I F Q L 360

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1081 GAGTACGTGTTACAGAGCCCTGCAGGAGTGGACGGCAATGCAGCTTCGGTCACCTCTCTG 1140
361 E Y V F S S P A G V D G N A A S V T S L 380

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1141 TCCAACCTGGCATGCATGCACATGGTCCGCTGGGCTGTTTGGAAACCCCTTGCTGGAAGCT 1200
381 S N L A C M H M V R W A V W N P L L E A 400

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1201 GATTCTGGAAGGTGACCCTGCCTCTGCAGGGTGGGATCCAGCCCAACCCCTCGCACTGT 1260
401 D S G R V T L P L Q G G I Q P N P S H C 420

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1261 CTGGTCTACAAGGTACCCTCAGCCAGCATGAGCTCTGAAGAGGTGAAGCAGGTGGAGTCG 1320
421 L V Y K V P S A S M S S E E V K Q V E S 440

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1321 GGTACACTCCGGTTCCAGTTCTCGCTGGGCTCAGAAGAACACCTGGATGCACCCACGGAG 1380
441 G T L R F Q F S L G S E E H L D A P T E 460

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1381 CCTGTCACTGGCCCCAAAGTGGAGCGGCGCCTTCCAGGAAACACCCACGTCCCTTCG 1440
461 P V S G P K V E R R P S R K P P T S P S 480

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1441 AGCCCCCAGCGCCAGTACCTCGAGTTCTCGCTGCCCGCAGAACTCAGCTGTGGGACCA 1500
481 S P P A P V P R V L A A P Q N S P V G P 500

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1501 GGGTTGTCAATTTCCAGCTGGCGGCCTCCCGCGGTCCCGACTCAGCACTGCTTGGCC 1560
501 G L S I S Q L A A S P R S P T Q H C L A 520

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1561 AGGCCTACTTCACAGCTACCCATGGCTCTCAGGCCTCCCGGCCAGGCACAGGAGTTC 1620
521 R P T S Q L P H G S Q A S P A Q A Q E F 540

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1621 CCGTTGGAGGCCGGTATCTCCACCTGGAAGCCGACCTGAGCCAGACCTCCCTGGTCTCTG 1680
541 P L E A G I S H L E A D L S Q T S L V L 560

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1681 GAAACATCCATTGCCGAACAGTTACAGGAGCTGCCGTTACGCCTTTGCATGCCCTATT 1740
561 E T S I A E Q L Q E L P F T P L H A P I 580

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1741 GTTGTGGGAACCCAGACCAGGAGCTCTGCAGGGCAGCCCTCGAGAGCCTCCATGGTGCTC 1800
581 V V G T Q T R S S A G Q P S R A S M V L 600

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1801 CTGCAGTCTCCGGCTTTCCCGAGATTCTGGATGCCAATAAACAGCCAGCCGAGGCTGTC 1860
601 L Q S S G F P E I L D A N K Q P A E A V 620

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1861 AGCGCTACAGAACCTGTGACGTTTAACCCTCAGAAGGAAGAATCAGATTGTCTACAAAGC 1920
621 S A T E P V T F N P Q K E E S D C L Q S 640

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1921 AACGAGATGGTGCTACAGTTTCTTGCTTTAGCAGAGTGGCCAGGACTGCCGAGGAACA 1980
641 N E M V L Q F L A F S R V A Q D C R G T 660

```

Exon 9

Exon 10

Exon 11

Exon 12

Exon 13

Exon 14

Exon 15

Exon 16

```

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1981 TCATGGCCAAAGACTGTGTATTTACCTTCCAGTTCTACCGCTTCCCACCCGCAACGACG 2040
661 S W P K T V Y F T F Q F Y R F P P A T T 680

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2041 CCACGACTGCAGCTGGTCCAGCTGGATGAGGCCGGCCAGCCAGCTCTGGCGCCCTGACC 2100
681 P R L Q L V Q L D E A G Q P S S G A L T 700

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2101 CACATCCTCGTGCCTGTGAGCAGAGATGGCACCTTTGATGCTGGGTCTCTGGCTTCCAG 2160
701 H I L V P V S R D G T F D A G S P G F Q 720

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2161 CTGAGGTACATGGTGGGCCCTGGGTTCCTGAAGCCAGGTGAGCGGCGCTGCTTTGCCCGC 2220
721 L R Y M V G P G F L K P G E R R C F A R 740

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2221 TACCTGGCCGTGCAGACCTGCAGATTGACGTCTGGGACGGAGACTCCCTGCTGCTCATC 2280
741 Y L A V Q T L Q I D V W D G D S L L L I 760

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2281 GGATCTGCTGCCGTCCAGATGAAGCATCTCCTCCGCCAAGGCCGGCGCTGTGCAGGCC 2340
761 G S A A V Q M K H L L R Q G R P A V Q A 780

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2341 TCCCACGAGCTTGAGGTCTGGCAACTGAATACGAGCAGGACAAACATGGTGGTGAGTGA 2400
781 S H E L E V V A T E Y E Q D N M V V S G 800

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2401 GACATGCTGGGGTTTGGCCGCGTCAAGCCCATCGGCGTCCACTCGGTGGTGAAGGGCCGG 2460
801 D M L G F G R V K P I G V H S V V K G R 820

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2461 CTGCACCTGACTTTGGCCAACGTGGGTCAACCGTGTGAACAGAAAGTGAGAGGTGTAGC 2520
821 L H L T L A N V G H P C E Q K V R G C S 840

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2521 ACATTGCCACCGTCCAGATCTCGGGTCATCTCAACAGATGGAGCCAGCCGCTTCTCTGA 2580
841 T L P P S R S R V I S N D G A S R F S G 860

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2581 GGCACCTCCTCACGACTGGAAGCTCAAGGCGAAAACAGTGGTGCAAGCACAGAAGCTG 2640
861 G S L L T T G S S R R K H V V Q A Q K L 880

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2641 GCGGACGTGGACAGTGAGCTGGCTGCCATGCTACTGACCCATGCCCGGCAGGGCAAGGGG 2700
881 A D V D S E L A A M L L T H A R Q G K G 900

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2701 CCCCAGGACGTACGCCGCGAGTCGGATGCCACCCGCAGGCGTAAGCTGGAGCGGATGAGG 2760
901 P Q D V S R E S D A T R R R K L E R M R 920

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2761 TCTGTGCGCTGCAGGAGGCCGGGGGAGACTTGGGCCGGCGCGGACGAGCGTGTGGCG 2820
921 S V R L Q E A G G D L G R R G T S V L A 940

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2821 CAGCAGAGCGTCCGCACACAGCACTTGCGGGACCTACAGGTCATCGCCGCCTACCGGGAA 2880
941 Q Q S V R T Q H L R D L Q V I A A Y R E 960

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2881 CGCACGAAGCCGAGAGCATCGCCAGCCTGCTGAGCCTGGCCATCACCACGGAGCACAG 2940
961 R T K A E S I A S L L S L A I T T E H T 980

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2941 CTCCACGCCACGCTGGGGTTCGCCAGTTCTTTGAGTTTGTGCTTAAGAACCCCAAC 3000
981 L H A T L G V A E F F E F V L K N P H N 1000

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
3001 ACACAGCACACGGTGACTGTGGAGATCGACAACCCGAGCTCAGCGTCATCGTGACAGT 3060

```

Exon 17

Exon 18

Exon 19

Exon 20

Exon 21

1001 T Q H T V T V E I D N P E L S V I V D S 1020

3061 CAGGAGTGGAGGGACTTCAAGGGTGCTGCTGGCCTGCACACACCGGTGGAGGAGGACATG 3120
1021 Q E W R D F K G A A G L H T P V E E D M 1040

Exon 22

3121 TTCCACCTGCGTGGCAGCCTGGCCCCCAGCTCTACCTGGCCCCCAGAGACCGCCCCAC 3180
1041 F H L R G S L A P Q L Y L R P H E T A H 1060

3181 GTCCCCCTTCAAGTTCAGAGCTTCTCTGCAGGGCAGCTGGCCATGGTGCAGGCCTCTCCT 3240
1061 V P F K F Q S F S A G Q L A M V Q A S P 1080

Exon 23

3241 GGGTTGAGCAACGAGAAGGGCATGGACGCCGTGTACCTTGGAAAGTCCAGCGCAGTGCCC 3300
1081 G L S N E K G M D A V S P W K S S A V P 1100

3301 ACTAAACACGCCAAGGTCTTGTTCGAGCGAGTGGTGGCAAGCCCATCGCCGTGCTCTGC 3360
1101 T K H A K V L F R A S G G K P I A V L C 1120

Exon 24

3361 CTGACTGTGGAGCTGCAGCCCCACGTGGTGGACCAGGTCTTCCGCTTCTATCACCCGGAG 3420
1121 L T V E L Q P H V V D Q V F R F Y H P E 1140

3421 CTCTCCTTCTCGAAGAAGGCCATCCGCCTGCCGCCCTGGCAGACATTTCCAGGTGCTCCG 3480
1141 L S F L K K A I R L P P W H T F P G A P 1160

Exon 25

3481 GTGGGAATGCTTGGTGAGGACCCCCAGTCCATGTTTCGCTGCAGCGACCCGAACGTCATC 3540
1161 V G M L G E D P P V H V R C S D P N V I 1180

3541 TGTGAGACCCAGAATGTGGGCCCCGGGAACACGGGACATATTTCTGAAGGTGGCCAGT 3600
1181 C E T Q N V G P G E P R D I F L K V A S 1200

Exon 26

3601 GGTCCAAGCCCGGAGATCAAAGACTTCTTTGTCATCATTTACTCGGATCGCTGGCTGGCG 3660
1201 G P S P E I K D F F V I I Y S D R W L A 1220

3661 ACACCCACACAGACGTGGCAGGTCTACCTCCACTCCCTGCAGCGCGTGGATGTCTCCTGC 3720
1221 T P T Q T W Q V Y L H S L Q R V D V S C 1240

Exon 27

3721 GTCGACGGCCAGCTGACCCGCCTGTCCCTTGTCTTCGGGGACACAGACAGTGAGGAAA 3780
1241 V A G Q L T R L S L V L R G T Q T V R K 1260

3781 GTGAGAGCTTTCACCTCTCATCCCCAGGAGCTGAAGACAGACCCCAAGGTGTCTTCGTG 3840
1261 V R A F T S H P Q E L K T D P K G V F V 1280

Exon 28

3841 CTGCCGCCTCGTGGGGTGCAGGACCTGCATGTTGGCGTGAGGCCCTTAGGGCCGGCAGC 3900
1281 L P P R G V Q D L H V G V R P L R A G S 1300

3901 CGCTTTGTCCATCTCAACCTGGTGGACGTGGATTGCCACCAGCTGGTGGCCTCCTGGCTC 3960
1301 R F V H L N L V D V D C H Q L V A S W L 1320

3961 GTGTGCCTCTGCTGCCGCCAGCCGCTCATCTCCAAGGCCTTTGAGATCATGTTGGCTGCG 4020
1321 V C L C C R Q P L I S K A F E I M L A A 1340

4021 GGCGAAGGAAGGGTGTCAACAAGAGGATCACCTACACCAACCCCTACCCCTCCCGGAGG 4080
1341 G E G K G V N K R I T Y T N P Y P S R R 1360

Exon 29

4081 ACATTCCACCTGCACAGCGACCACCCGGAGCTGCTGCGGTTTCAGAGAGGACTCCTTCCAG 4140
1361 T F H L H S D H P E L L R F R E D S F Q 1380

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
4141 GTCGGGGGTGGAGAGACCTACACCATCGGCTTGCGAGTTTGCGCCTAGTCAGAGAGTGGGT 4200
1381 V G G G E T Y T I G L Q F A P S Q R V G 1400

Exon 30

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
4201 GAGGAGGAGATCCTGATCTACATCAATGACCATGAGGACAAAAACGAAGAGGCATTTTGC 4260
1401 E E E I L I Y I N D H E D K N E E A F C 1420

-----|-----|-----|
4261 GTGAAGGTCATCTACCAGTGA 4281
1421 V K V I Y Q * 1426

GGGCTTGAGGGTGCAGTCCTTCCTGCGGCACCCAGCTGGGGCCTGTCTGTGCCCTCCTG
CCCTGCAGGCTGTCTCCCCGCCCTCTCTGCAGCCTTTCACCTTCAGTGCCACCTGGCTGA
CCTGTGCACTTGGCTGAGGAAGCAGAGACCGAGCGCTGGTCATTTTGTAGTACCTGCATC
CAGCTTAGCTGCTGCTGACACCCAGCAGGCTGGGTTCCTGAGCGCGAACTCCGTGGTG
GTGGGTCTGGCTCTGGTGCCTGCCATCTACGCATGTGGGACCCCTCGTTATCGCTGTTGCTC
AAAAATGTATTTTATGAATCATCCTAAATGAGAAAATTATGTTTTTCTTACTGGATTTTGT
ACAAACATAATCTATTATTGCTATGCAATATTTTATGCTGGTATTATATCTGTTTTTTA
AATTGTTGAACAAAATACTAACTTTT

Figure 5

human	MNDWHRIFTQ	NVLVPPHPQR	ARQPWKESTA	FQCVLKWLDG	PVIRQ	45
mouse	MGDWHRAFTQ	NTLVPPHPQR	ARQLGKESTA	FQCI LKWLDG	PLIKQ	45
CEleg	0
human	GVLEVLSEVE	CHLRVSFFDV	TYRHFFGRTW	KTTVKPTKR P	...PS	87
mouse	GILDM LSELE	CHLRVTLFDV	TYKHFFGRTW	KTTVKPTNQP	SKQPP	90
CElegMSVNDW	YSLFLANRPV	EMKRNVS RGT	KALCY	31
human	RIVFNEP...	...LYFHTSLN	HPHIVAVVEV	VAEGKKR...	...D	120
mouse	RI TFNEP...	...LYFHTTLS	HP SIVAVVEV	VTEGRKR...	...D	123
CEleg	S M F I S N L T S P	Q T L Y F Y S I T N	S R D V L L I L E F	V E E G S D E I N G	R T F E N	76
human	GS LQTLS CGF	GILRIFSN..	QPDSPISASQ	DKRLRLYHGT	PRALL	163
mouse	GT LQLLSCGF	GILRIFGN..	KPESPTSAAQ	DKRLRLYHGT	PRALL	166
CEleg	P K S T K I T A P A	T S V G W F S T H I	E K K T P V E I S N	T K I F D I F G G T	P K L L I	121
human	HPLLQDP AEO	NRHMTLIENC	SLOYTLKPHP	ALEPAFHLLP	ENLLV	208
mouse	HPLLQDP IEQ	NKFMRLMENC	SLOYTLKPHP	PLEPAFHLLP	ENLLV	211
CEleg	F.....DK	E T V L K P V G N V	E C T Y N I F E M P	P I . . F F Q C L P	E F C T V	157
human	SG LQQIPGLL	PAHGESGDAL	RKPR LQKPIT	GHLDDLFFFTL	YPSLE	253
mouse	SG FQQIPGLL	PPHGD TGDAL	RKPR FQKPTT	WHLDDLFFFTL	YPSLE	256
CEleg	C D K D I I P G I I	K D S S D . E W W L	S T P K E M P T I P	A A I D A I V I Q F	K N N V P	201
E-rich						
human	KFEEELLELH	VQDHFOEGCG	PLDGGALEIL	ERRLRVGVHN	GLGFV	298
mouse	KFEEELVQLL	ISD...REGVG	LLDSG TLEV L	ERRLHVGVHN	GLGFV	299
CEleg	E L E K Q T T H D I	E K E W A L K E G G	T L K P K A I . I M	D R K L R T G V H N	G Y T Y V	245
S-rich						
human	QRPOVVVLVP	EMDVALTRSA	SFSRKVVSSS	KTSSSGS QALV	LRS..	341
mouse	QRPOVVVLVP	EMDVALTRSA	SFSRKISASS	KNSSGNQALV	LRS..	342
CEleg	T E P F T V D L E I	I S S N A G D T L R	S R K K P I D F G K	S S N W E E Q L L F	Q A A G N	290
human	.RLRLPEMVG	HPAFAMIFQL	EYVFS SPAGV	DGNAASVTSL	SNLAC	385
mouse	.HLRLPEMVS	HPAFAMIFQL	EYVFN SP SGA	DGGAS SPTS I	SSVAC	386
CEleg	P R L A L R N L Y A	D P R M A I I F L L	E Y T F H R E D N Q	S L N Q T I L I G W	A A W T P	335
human	MHMVRWAVWN	PLLEADS GRV	TLPLQGGI QP	NPSHCLVYKV	PSASM	430
mouse	MHMVRWAVWN	PDLEVGP GK V	TLPLQGGV Q Q	NPSRCLVYKV	PSASM	431
CEleg	F S D	G A F S G K E V E T	R V S F V G G P R P	N P E G V L C Y K N	V L N Q P	373
P-rich						
human	SSEEVKQVES	GTLRFOFSLG	SEEHL DAPTE	PVSGPKVERR	PSRKP	475
mouse	SSEEVKQVES	GTIQFQFSL S	S...DGPTE	HANGPRVGRR	SSRKM	472
CEleg	D S L K P L N E K L	E I F V D F K F Y E	N G R S V H N T P T	S R R A A D S A R V	Q T G R S	418
P-rich						
human	PTSPSSPPAP	VPRVLAAPQN	SPVGPGLSIS	QLAASPR SPT	QHCLA	520
mouse	PASPS.....	477
CEleg	G D N G Q S A R S N	R K S V K I E T P R	S P E N S N . . R F	P A L V D T G R S V	S S V D E	461
human	RPTSQ LPHGS	QASPAQA QEF	PLEAGISHLE	ADLSQTS LVL	ETSI A	565
mouse QES	VLES RVSHLE	ADLSQ PASLQ	GTPAV	505
CEleg	L R S I N E D L N R	F I E E P M E I P V	Q D V V V A K K P V	E E P L P I T S V Y	K I P F D	506
human	EQ LQELPFTP	LHAPIVVG TQ	TRSSAGQPSR	ASMVLLQSSG	FPEIL	610
mouse	EH LQELPFTP	LHAPIVVG A Q	TRSSRSQ LSR	AAMVLLQSSG	FPEIL	550
CEleg	E L K P I N F P	S A H S M F A R Q N	F T Q L K	530

human	DANKQPAEAV	SATEPVTFNFP	QKEESDCLQS	NEMVLQFLAF	SRVAQ	655
mouse	DASQQPV EAV	NPIDPVR FNP	QKEESDCLRG	NEI VLQFLAF	SRAAQ	595
CEleg	DRNGSPPNTE	DVTLKTIIDM	KREQLDRLIT	SHVYFQFI AF	KQLAA	575
human	DCRGT SWPKT	VYFTFQFYRF	PPATTTPRLQL	VQLDEAGQPS	SGALT	700
mouse	DCPGT PWPQT	VYFTFQFYRF	PPETTTPRLQL	VKLDGTGKSG	SGSL	640
CEleg	P . . DARMIKK	LFFTIGFYRF	PDITTESMLL	TSM EK . GEPT	612
human	HILVP VSRDG	TFDA . GSPGF	QLRYMVGPGF	LKPGERRCFA	RYLAV	744
mouse	HILVP INKDG	SFDA . GSPGL	QLRYMVDPGF	LKPGEQRWFA	HYLAA	684
CEleg	. LLTRL DKN G	NSDVIASPGF	I AKYII EGEE	SKAD FL	DFMAS	652
human	OTLQIDVWDG	DSLLLLIGSAA	VQMKHLLRQG	RPAVQ ASHEL	EVVAT	789
mouse	OTLQV D VWDG	DSLLLLIGSAG	VQMKHLLRQG	RPAVQ V SHEL	EVVAT	729
CEleg	G HATIDVWDS	DSL IHLGSTI	VPIKNLYRRG	REAVQ LFIQC	PVVD T	697
human	EYEQDNMVVS	GDM LGFGRVK	PIGVH SVVKG	RLHLTLANVG	HPCEQ	834
mouse	EYEQEMMAVS	GDVAGFGSVK	PIGVHTVVKG	RLHLTLANVG	HACEP	774
CEleg	S LDTSSKA . .	. GAFLYMRVA	NIGFPSGNTY	DL	726
			S-rich			
human	KVRGCSTLPP	SRSRVISNDG	AS . RFSGGSL	LT TGSSRRKH	VVQAQ	878
mouse	RARGSNL LPP	SRSRVISNDG	AS . FFSGGSL	LIPGGPKRKR	VVQAQ	818
CEleg	. SSSSSSLTT	TRSNVNSGQG	TVVRRLTSSI	RLNEEGPHSY	RIHAK	770
	DUF339		H. salinarium			
human	KLADVDS ELA	AMLLTHARQG	KGPQDVSR ES	DATRRRKLER	MRSVR	923
mouse	RLADVDS ELA	AMLLTHTRAG	QGPQAAGQEA	DAVHKRKLER	MRLVR	863
CEleg	PLPGNSGVGL	DRFLTAQR L DIQQRHE	QLFNENS LDK	IRQWN	811
			H. salinarium			
human	LOEAGGDLGR	RGTSVLAQQS	VRTQH LRDLO	VIAAYRERTK	AESIA	968
mouse	LOEAGGDS DS	RRISL LAQHS	VRAQH SRDLO	VIDAYRERTK	AESIA	908
CEleg	DLKEGFNFSD	NKE . . . LAQKF	IFEE . . . ELA	AYKKLRYESK	PAKLL	851
	H. salinarium					
human	SLLSLAITTE	HTLHATLGV A	EFFEFVLKNP	HNTQHTVTVE	IDNPE	1013
mouse	GVLSQAITTH	HTLYATLGTA	EFFEFALKNP	HNTQHTVAIE	IDSPE	953
CEleg	EAVFKGITSC	HQINPSFGEK	VFFEFPLENY	NSEPINCTIE	FDD EA	896
human	LSVIVDSQEW	RDFKGAAGLH	TPVEEDMFHL	RGSLAPQLYL	RPHET	1058
mouse	LSIILDSQEW	RYFKEATGLH	TPL EEDMFHL	RGSLAPQLYL	RPRET	998
CEleg	LKPVFDAE EW KFYKT	VNKVT	916
human	AHVPFKFQSF	SAGQLAMVQA	SPGLSNEKGM	DAVSPWKSSA	VPTKH	1103
mouse	AHIPLKFQSF	SVGPLAPTQA	PAEVITEKDA	ESGPLWKCSA	MPTKH	1043
CEleg	TPSEKQMMRQ	TTDRIEICLQ	PGDVLFI PFI	YDAFFFPND A	FNMYS	961
human	AKVLFRA . SG	GKPIAVLCLT	VELQPHVVDQ	VFRFYHPELS	FLKKA	1147
mouse	AKVLF RV . ET	GQLIAVLCLT	VEPQPHVVDQ	VFRFYHPELT	FLKKA	1087
CEleg	TKVVFR RWD T	KEPLA L D L H	VHRRNFL LQH	SVTFICETS G	NWEKQ	1006
human	IRLPPWHTFP	GAPVGM LGED	PPVHVRCSDP	NVICE TQNVG	PGEPR	1192
mouse	IRLPPWHTLP	GAPVGM PGED	PPVHVRCSDP	NVICEAQNVG	PGEPR	1132
CEleg	LVLP P MARDR	RVLSCRCSDP	SVRLTVRNAT	LQQ I .	1040
human	DIFLKVASGP	SPEIKDFFVI	IYSDRWLATP	TQTWQVYLHS	LQRVD	1237
mouse	DVFLKVASGP	SPEIKDFFVV	IYADRWLAVP	VQTWQVCLHS	LQRVD	1177
CEleg	. VGFTTYSGE	TND RKT F L L L	MYS DH Y Q T R L	MATWK T T L P	FFNV D	1084

human	VSCVAGQLTR	LSLVLRGTQT	VRKVRAFTSH	POELKTDPKG	VFVLP	1282
mouse	VSCVAGQLTR	LSLVLRGTQT	VRKVRAFTSH	POELKTDPAG	VFVLP	1222
CEleg	VR S I V G Q T T R	L H L L V H R R S E	H D G V P D D L L K	V Y T A S G C M K V	V D S V L	1129

human	PRGVQDLHVG	VRPLRAGSRF	VHLNLVDVDC	HQLVASWLVC	LC CRQ	1327
mouse	PHGVQDLHVG	VRPRRAGSRF	VHLNLVDIDY	HQLVASWLVC	LS CRQ	1267
CEleg	T E R T P T A T I D	F T P N F I G T K K	L V V S V V N T N T	L K L E R G F L V Y	G K S E A	1174

human	PLISKAFEIM	LAAGEGKGVN	KRITYTNFYP	SRRTFHLHSD	HP ELL	1372
mouse	PLISKAFEIT	MAAGDEKGTN	KRITYTNPY P	SRRTYRLHSD	R P ELL	1312
CEleg	P R I T Q K F V I Q	I P S S D E A I R K	V C	1196

human	RFREDSFQVG	GGETYTIGLQ	FAPSQRVGEE	EILIIYINDHE	DKNEE	1417
mouse	RFKEDSFQVA	GGETYTIGLR	FLPSGSAGQE	EILIIYINDHE	DKNEE	1357
CEleg	1196

ER

human	AFCVKVIYQ	1426
mouse	TFCKVKVLYQ	1366
CEleg	1196

Figure 6

GACGCGAGGCGGGTCTTGGACTGAGTGTGCGGCGCGGTGCGCCGCTTCCGAGGCTCC
TCCCGCGGGTGGCAGCGGACGGGGCGGCCCCCTCGGCCAGTCTCGGTCTCAGGCTTG
TGGCTCCGTTGAGCACCGGCCGCGGGCCTCTGGGTCCGTGAGTGGAGACTCTCTGAA
AAGCGTGGGCTCCGTGGCCTCCGGCGCGGCCGCGGGTCCGTCTCTAGATCATCCG
GGAAGCCACGGGACCCCTCAGGCGGGCAGG
-----|-----|-----|-----|-----|
1 ATGAACGACTGGCACAGGATCTTCACCCAAAACGTGCTTGTCCCTCCCACCCACAGAGA 60
1 M N D W H R I F T Q N V L V P P H P Q R 20
-----|-----|-----|-----|-----|
61 GCGCGCCAGCCTTGGAAGGAATCCACGGCATTCCAGTGTGCTCAAGTGGCTGGACGGA 120
21 A R Q P W K E S T A F Q C V L K W L D G 40
-----|-----|-----|-----|-----|
121 CCGTAATTAGGCGGGCGTGTGGAGTACTGTCAGAGGTTGAATGCCATCTGCGAGTG 180
41 P V I R Q G V L E V L S E V E C H L R V 60
-----|-----|-----|-----|-----|
181 TCTTTCTTTGATGTCACCTACCGCACTTCTTTGGGAGGACGTGGAAAACCACAGTGAAG 240
61 S F F D V T Y R H F F G R T W K T T V K 80
-----|-----|-----|-----|-----|
241 CCGACGAAGAGACCGCCCTCCAGGATCGTCTTTAATGAGCCCTTGTATTTTCACACATCC 300
81 P T K R P P S R I V F N E P L Y F H T S 100
-----|-----|-----|-----|-----|
301 CTAACCACCTCATATCGTGGCTGTGGTGGAAAGTGGTCGCTGAGGGCAAGAAACGGGAT 360
101 L N H P H I V A V V E V V A E G K K R D 120
-----|-----|-----|-----|-----|
361 GGGAGCCTCCAGACATTGTCCTGTGGGTGGAATTCTTCGGATCTTCAGCAACCAGCCG 420
121 G S L Q T L S C G F G I L R I F S N Q P 140
-----|-----|-----|-----|-----|
421 GACTTCCTATCTCTGCTTCCAGGACAAAAGGTTGCGGCTGTACCATGGCACCCCCAGA 480
141 D S P I S A S Q D K R L R L Y H G T P R 160
-----|-----|-----|-----|-----|
481 GCCCTCCTGCACCCGCTTCTCCAGGACCCCGCAGAGCAAAACAGACACATGACCCCTCATT 540
161 A L L H P L L Q D P A E Q N R H M T L I 180
-----|-----|-----|-----|-----|
541 GAGAACTGCAGCCTGCAGTACACGCTGAAGCCACCCGGCCCTGGAGCCTGCGTTCCAC 600
181 E N C S L Q Y T L K P H P A L E P A F H 200
-----|-----|-----|-----|-----|
601 CTTCTTCCTGAGAACCTTCTGGTGTCTGGTCTGCAGCAGATACCTGGCCTGCTTCCAGCT 660
201 L L P E N L L V S G L Q Q I P G L L P A 220
-----|-----|-----|-----|-----|
661 CATGGAGAATCCGGCGACGCTCTCCGAAAGCCTCGCCTCCAGAAGCCCATCACGGGGCAC 720
221 H G E S G D A L R K P R L Q K P I T G H 240
-----|-----|-----|-----|-----|
721 TTGGATGACTTATTCTTCACCTGTACCCCTCCCTGGAGAAGTTTGAGGAAGAGCTGCTG 780
241 L D D L F F T L Y P S L E K F E E E L L 260
-----|-----|-----|-----|-----|
781 GAGCTCCACGTCCAGGACCACTTCCAGGAGGGATGTGGCCCACTGGACGGTGGTGCCTG 840
261 E L H V Q D H F Q E G C G P L D G G A L 280
-----|-----|-----|-----|-----|
841 GAGATCCTGGAGCGGCGCCTGCGTGTGGGCGTGCACAATGGTCTGGGCTTCGTGCAGAGG 900
281 E I L E R R L R V G V H N G L G F V Q R 300
-----|-----|-----|-----|-----|

Exon 1

Exon 2

Exon 3

Exon 4

Exon 5

Exon 6

Exon 7

Exon 8

901 CCGCAGGTCGTTGTACTGGTGCCTGAGATGGATGTGGCCTTGACGCGCTCAGCTAGCTTC 960
301 P Q V V V L V P E M D V A L T R S A S F 320

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
961 AGCAGGAAAGTGGTCTCCTCTTCCAAGACCAGCTCCGGGAGCCAAGCTCTGGTTTTGAGA 1020
321 S R K V V S S S K T S S G S Q A L V L R 340

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1021 AGCCGCCTCCGCCTCCAGAGATGGTCGGCCACCCTGCATTTCGGGTCATCTTCCAGCTG 1080
341 S R L R L P E M V G H P A F A V I F Q L 360

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1081 GAGTACGTGTTTTCAGCAGCCCTGCAGGAGTGGACGGCAATGCAGCTTCGGTCACCTCTCTG 1140
361 E Y V F S S P A G V D G N A A S V T S L 380

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1141 TCCAACCTGGCATGCATGCACATGGTCCGCTGGGCTGTTTGGAAACCCCTTGCTGGAAGCT 1200
381 S N L A C M H M V R W A V W N P L L E A 400

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1201 GATTCTGGAGGGTGACCCTGCCTCTGCAGGGTGGGATCCAGCCCAACCCCTCGCACTGT 1260
401 D S G R V T L P L Q G G I Q P N P S H C 420

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1261 CTGGTCTACAAGGTACCCTCAGCCAGCATGAGCTCTGAAGAGGTGAAGCAGGTGGAGTCG 1320
421 L V Y K V P S A S M S S E E V K Q V E S 440

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1321 GGTACACTCCGGTTCCAGTTCTCGCTGGGCTCAGAAGAACACCTGGATGCACCCACGGAG 1380
441 G T L R F Q F S L G S E E H L D A P T E 460

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1381 CCTGTGAGTGGCCCAAAGTGGAGCGCGCCTTCCAGGAAACCACCCACGTCCTCCCTTCG 1440
461 P V S G P K V E R R P S R K P P T S P S 480

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1441 AGCCCGCCAGCGCCAGTACCTCGAGTTCTCGCTGCCCCGAGAACTCACCTGTGGGACCA 1500
481 S P P A P V P R V L A A P Q N S P V G P 500

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1501 GGGTTGTCAATTTCCAGCTGGCGCCTCCCGCGGTCCCGACTCAGCACTGCTTGGCC 1560
501 G L S I S Q L A A S P R S P T Q H C L A 520

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1561 AGGCCTACTTCACAGCTACCCCATGGCTCTCAGGCCTCCCGGCCAGGCACAGGAGTTC 1620
521 R P T S Q L P H G S Q A S P A Q A Q E F 540

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1621 CCGTTGGAGGCGGTATCTCCACCTGGAAGCCGACCTGAGCCAGACCTCCCTGGTCCTG 1680
541 P L E A G I S H L E A D L S Q T S L V L 560

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1681 GAAACATCCATTGCCGAACAGTTACAGGAGCTGCCGTTTCAGCCTTTGCATGCCCTATT 1740
561 E T S I A E Q L Q E L P F T P L H A P I 580

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1741 GTTGTGGGAACCCAGACCAGGAGCTCTGCAGGGCAGCCCTCGAGAGCCTCCATGGTGCTC 1800
581 V V G T Q T R S S A G Q P S R A S M V L 600

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1801 CTGCAGTCTCCGGCTTCCCGAGATTCTGGATGCCAATAAACAGCCAGCCGAGGCTGTC 1860
601 L Q S S G F P E I L D A N K Q P A E A V 620

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1861 AGCGCTACAGAACCTGTGACGTTTAAACCCTCAGAAGGAAGAATCAGATTGTCTACAAAGC 1920
621 S A T E P V T F N P Q K E E S D C L Q S 640

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1921 AACGAGATGGTGCTACAGTTTCTTGCTTTAGCAGAGTGGCCAGGACTGCCAGGAACA 1980
641 N E M V L Q F L A F S R V A Q D C R G T 660

Exon 9

Exon 10

Exon 11

Exon 12

Exon 13

Exon 14

Exon 15

Exon 16

```

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1981 TCATGGCCAAAGACTGTGTATTTCACCTTCCAGTTCTACCGCTTCCCACCCGCAACGACG 2040
661 S W P K T V Y F T F Q F Y R F P P A T T 680

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2041 CCACGACTGCAGCTGGTCCAGCTGGATGAGGCCGGCCAGCCAGCTCTGGCGCCCTGACC 2100
681 P R L Q L V Q L D E A G Q P S S G A L T 700

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2101 CACATCCTCGTGCCTGTGAGCAGAGATGGCACCTTTGATGCTGGGTCTCCTGGCTTCCAG 2160
701 H I L V P V S R D G T F D A G S P G F Q 720

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2161 CTGAGGTACATGGTGGGCCCTGGGTTTCCTGAAGCCAGGTGAGCGGCGCTGCTTTGCCCGC 2220
721 L R Y M V G P G F L K P G E R R C F A R 740

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2221 TACCTGGCCGTGCAGACCCTGCAGATTGACGTCTGGGACGGAGACTCCCTGCTGCTCATC 2280
741 Y L A V Q T L Q I D V W D G D S L L L I 760

-----|-----|-----|-----|-----|-----|F3!C2335T
2281 GGATCTGCTGCCGTCCAGATGAAGCATCTCCTCCGCCAAGGCCGGCCGGCTGTGTAG--- 2340
761 G S A A V Q M K H L L R Q G R P A V X - 780

```

Exon 17

Exon 18

Figure 7.

GACGCGAGGCGGGTTCTTGACTGAGTGTGCGGCGCGGTGCGCCGCCTTCCGAGGCTCC TCCGCGGGTGGCAGCGGACGGGCGCGCCCCCTCGGCCAGTCTCGGTCTCAGGCTTG TGGCTCCGTTGAGCACCGGCCCGGGGCTCTGGGTCCGTGAGTGGAGACTCTCTGAA AAGCGTGGGCTCCGTGGCTTCCGGCGCGGCCGCGGGTCTCTAGATCATCCG GGAAGCCACGGGACCTCAGGCGGGCAGG ----- ----- ----- ----- ----- ----- 1 ATGAACGACTGGCACAGGATCTTCACCCAAACGTGCTTGTCCCTCCCCACCCACAGAGA 60 1 M N D W H R I F T Q N V L V P P H P Q R 20	Exon 1
----- ----- ----- ----- ----- ----- 61 GCGCGCCAGCCTTGAAGGAATCCACGGCATTCCAGTGTGCTCAAGTGGCTGGACGGA 120 21 A R Q P W K E S T A F Q C V L K W L D G 40	Exon 2
----- ----- ----- ----- ----- ----- 121 CCGTAATTAGGCAGGGCGTGTGGAGGTACTGTGAGGTTGAATGCCATCTGCGAGTG 180 41 P V I R Q G V L E V L S E V E C H L R V 60	Exon 3
----- ----- ----- ----- ----- ----- 181 TCTTTCTTTGATGTCACCTACCGCACTTCTTTGGGAGGACGTGGAAAACCACAGTGAAG 240 61 S F F D V T Y R H F F G R T W K T T V K 80	
----- ----- ----- ----- ----- ----- 241 CCGACGAAGAGACCGCCGTCCAGGATCGTCTTTAATGAGCCCTGTATTTTCACACATCC 300 81 P T K R P P S R I V F N E P L Y F H T S 100	
----- ----- ----- ----- ----- ----- 301 CTAAACCACCCCTCATATCGTGGCTGTGGTGAAGTGGTCGCTGAGGGCAAGAAACGGGAT 360 101 L N H P H I V A V V E V V A E G K K R D 120	Exon 4
----- ----- ----- ----- ----- ----- 361 GGGAGCCTCCAGACATTGTCCTGTGGGTTTGAATTTCTCGGATCTTCAGCAACCAGCCG 420 121 G S L Q T L S C G F G I L R I F S N Q P 140	
----- ----- ----- ----- ----- ----- 421 GACTCTCCTATCTCTGCTTCCCAGGACAAAAGTTGCGGCTGTACCATGGCACCCCCAGA 480 141 D S P I S A S Q D K R L R L Y H G T P R 160	Exon 5
----- ----- ----- ----- ----- ----- 481 GCCCTCTGCACCCGCTTCTCCAGGACCCCGCAGAGCAAAACAGACACATGACCCTCATT 540 161 A L L H P L L Q D P A E Q N R H M T L I 180	
----- ----- ----- ----- ----- ----- 541 GAGAACTGCAGCCTGCAGTACAGCTGAAGCCACACCCGGCCCTGGAGCCTGCGTTCAC 600 181 E N C S L Q Y T L K P H P A L E P A F H 200	Exon 6
----- ----- ----- ----- ----- ----- 601 CTTCTTCTGAGAACCTTCTGGTGTCTGGTCTGCAGCAGATACCTGGCCTGCTTCCAGCT 660 201 L L P E N L L V S G L Q Q I P G L L P A 220	
----- ----- ----- ----- ----- ----- 661 CATGGAGAATCCGGCGACGCTCTCCGAAAGCCTCGCCTCCAGAAGCCCATCACGGGGCAC 720 221 H G E S G D A L R K P R L Q K P I T G H 240	Exon 7
----- ----- ----- ----- ----- ----- 721 TTGGATGACTTATTCTTCACCTGTACCCCTCCCTGGAGAAGTTGAGGAAGAGCTGCTG 780 241 L D D L F F T L Y P S L E K F E E E L L 260	
----- ----- ----- ----- ----- ----- 781 GAGCTCCACGTCCAGGACCACTTCCAGGAGGGATGTGGCCCACTGGACGGTGGTGCCCTG 840 261 E L H V Q D H F Q E G C G P L D G G A L 280	
----- ----- ----- ----- ----- ----- 841 GAGATCCTGGAGCGCGCCTGCGTGTGGGCGTGACAATGGTCTGGGCTTCGTGCAGAGG 900 281 E I L E R R L R V G V H N G L G F V Q R 300	Exon 8

```

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
901 CCGCAGGTGGTTGTAAGTGGTGCCTGAGATGGATGTGGCCTTGACGCGCTCAGCTAGCTTC 960
301 P Q V V V L V P E M D V A L T R S A S F 320

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
961 AGCAGGAAAGTGGTCTCCTCTTCCAAGACCAGCTCCGGGAGCCAAGCTCTGGTTTGGAGA 1020
321 S R K V V S S S K T S S G S Q A L V L R 340

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1021 AGCGCCTCCGCTCCAGAGATGGTCGGCCACCCTGCATTTCGCGTCATCTTCCAGCTG 1080
341 S R L R L P E M V G H P A F A V I F Q L 360

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1081 GAGTACGTGTTTACAGAGCCTGCAGGAGTGGACGGCAATGCAGCTTCGGTCACCTCTCTG 1140
361 E Y V F S S P A G V D G N A A S V T S L 380

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1141 TCCAACTGGCATGCATGCACATGGTCCGCTGGGCTGTTTGGAAACCCCTTGGTGAAGCT 1200
381 S N L A C M H M V R W A V W N P L L E A 400

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1201 GATTCTGGAAGGGTACCCCTGCCTCTGCAGGGTGGGATCCAGCCCAACCCCTCGCACTGT 1260
401 D S G R V T L P L Q G G I Q P N P S H C 420

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1261 CTGGTCTACAAGGTACCCCTCAGCCAGCATGAGCTCTGAAGAGGTGAAGCAGGTGGAGTCG 1320
421 L V Y K V P S A S M S S E E V K Q V E S 440

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1321 GGTACACTCCGGTTCAGTTCTCGCTGGGCTCAGAAGAACACCTGGATGCACCCACGGAG 1380
441 G T L R F Q F S L G S E E H L D A P T E 460

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1381 CCTGTCAAGTGGCCCAAGTGGAGCGGGCCTTCCAGGAAACCCACGTCCTCCCTTCG 1440
461 P V S G P K V E R R P S R K P P T S P S 480

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1441 AGCCCGCCAGCGCCAGTACCTCGAGTTCTCGCTGCCCCGAGAACTCACCTGTGGGACCA 1500
481 S P P A P V P R V L A A P Q N S P V G P 500

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1501 GGGTGTCAATTTCCAGCTGGCGGCTCCCGCGGTCCCGACTCAGCACTGCTTGGCC 1560
501 G L S I S Q L A A S P R S P T Q H C L A 520

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1561 AGGCTACTTCACAGCTACCCATGGCTCTCAGGCCTCCCGGCCAGGCACAGGAGTTC 1620
521 R P T S Q L P H G S Q A S P A Q A Q E F 540

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1621 CCGTGGAGCCGGTATCTCCACCTGGAAGCCGACCTGAGCCAGACCTCCCTGGTCTG 1680
541 P L E A G I S H L E A D L S Q T S L V L 560

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1681 GAAACATCCATTGCCGAACAGTTACAGGAGCTGCCGTTTACGCCTTTGCATGCCCTATT 1740
561 E T S I A E Q L Q E L P F T P L H A P I 580

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1741 GTTGTGGGAACCCAGACCAGGAGCTCTGCAGGGCAGCCCTCGAGAGCCTCCATGGTGCTC 1800
581 V V G T Q T R S S A G Q P S R A S M V L 600

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1801 CTGCAGTCTCCGGCTTTCCGAGATTCTGGATGCCAATAAACAGCCAGCCGAGGCTGTC 1860
601 L Q S S G F P E I L D A N K Q P A E A V 620

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1861 AGCGTACAGAACCTGTGACGTTTAAACCTCAGAAGGAAGAATCAGATTGTCTACAAAGC 1920
621 S A T E P V T F N P Q K E E S D C L Q S 640

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1921 AACGAGATGGTGCTACAGTTTCTTGCTTTAGCAGAGTGGCCAGGACTGCCAGGAACA 1980
641 N E M V L Q F L A F S R V A Q D C R G T 660

```

Exon 9

Exon 10

Exon 11

Exon 12

Exon 13

Exon 14

Exon 15

Exon 16


```

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1981 TCATGGCCAAAGACTGTGTATTTCACCTTCCAGTTCTACCGCTTCCCACCCGCAACGACG 2040
661 S W P K T V Y F T F Q F Y R F P P A T T 680

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2041 CCACGACTGCAGCTGGTCCAGCTGGATGAGGCCGCCAGCCAGCTCTGGCGCCCTGACC 2100
681 P R L Q L V Q L D E A G Q P S S G A L T 700

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2101 CACATCCTCGTGCCTGTGAGCAGAGATGGCACCTTTGATGCTGGGTCTCCTGGCTTCCAG 2160
701 H I L V P V S R D G T F D A G S P G F Q 720

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2161 CTGAGGTACATGGTGGGCCCTGGGTTCTGAAGCCAGGTGAGCGGCGCTGCTTTGCCCGC 2220
721 L R Y M V G P G F L K P G E R R C F A R 740

-----|-----|-----|-----|-----F241G2250A-----|
2221 TACCTGGCCGTGCAGACCTGCAGATTGACGCTGGGACAGAGACTCCCTGCTGCTCATC 2280
741 Y L A V Q T L Q I D V W D R D S L L L I 760

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2281 GGATCTGTGCCGTCCAGATGAAGCATCTCCTCCGCCAAGGCCGCCGGCTGTGCAGGCC 2340
761 G S A A V Q M K H L L R Q G R P A V Q A 780

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2341 TCCACGAGCTTGAGGTGCTGGCAACTGAATACGAGGAGGACAACATGGTGGTGAGTGGA 2400
781 S H E L E V V A T E Y E Q D N M V V S G 800

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2401 GACATGCTGGGGTTTGGCCGCGTCAAGCCCATCGGCGTCCACTCGGTGGTGAAGGGCCGG 2460
801 D M L G F G R V K P I G V H S V V K G R 820

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2461 CTGCACCTGACTTTGGCCAACGTGGGTCAACCGTGTGAACAGAAAGTGAGAGTTGTAGC 2520
821 L H L T L A N V G H P C E Q K V R G C S 840

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2521 ACATTGCCACCGTCCAGATCTCGGGTCATCTCAAACGATGGAGCCAGCCGCTTCTCTGGA 2580
841 T L P P S R S R V I S N D G A S R F S G 860

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2581 GGCAGCCTCTCAGACTGGAAGCTCAAGGCCGAAACACGTGGTGCAAGCACAGAAGCTG 2640
861 G S L L T T G S S R R K H V V Q A Q K L 880

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2641 GCGACGCTGGACAGTGAGCTGGCTGCCATGCTACTGACCCATGCCCGGCAGGGCAAGGGG 2700
881 A D V D S E L A A M L L T H A R Q G K G 900

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2701 CCCAGGACGTCAGCCGCGAGTCGGATGCCACCCGAGGCGTAAGCTGGAGCGGATGAGG 2760
901 P Q D V S R E S D A T R R R K L E R M R 920

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2761 TCTGTGCGCTGCAGGAGGCCGGGGGAGACTTGGGCCGGCGGGGACGAGCGTGTTGGCG 2820
921 S V R L Q E A G G D L G R R G T S V L A 940

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2821 CAGCAGAGCGTCCGCACACAGCACTTGCGGGACCTACAGGTATCGCCGCCTACCGGGA 2880
941 Q Q S V R T Q H L R D L Q V I A A Y R E 960

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2881 CGCACGAAGGCCGAGAGCATCGCCAGCCTGCTGAGCCTGGCCATCACCGAGCACACG 2940
961 R T K A E S I A S L L S L A I T T E H T 980

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2941 CTCCACGCCACGCTGGGGTTCGCCGAGTTCTTTGAGTTGTGCTTAAGAACCCCAAC 3000
981 L H A T L G V A E F F E F V L K N P H N 1000

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
3001 ACACAGCACACGGTGACTGTGGAGATCGACAACCCGAGCTCAGCGTCATCGTGACAGT 3060

```

Exon 17

Exon 18

Exon 19

Exon 20

Exon 21

1001 T Q H T V T V E I D N P E L S V I V D S 1020

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
3061 CAGGAGTGGAGGGACTTCAAGGGTGTCTGCTGGCCTGCACACACCGGTGGAGGAGGACATG 3120
1021 Q E W R D F K G A A G L H T P V E E D M 1040

Exon 22

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
3121 TTCCACCTGCGTGGCAGCCTGGCCCCCAGCTCTACCTGCGCCCCACGAGACCGCCAC 3180
1041 F H L R G S L A P Q L Y L R P H E T A H 1060

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
3181 GTCCCTTCAAGTTCCAGAGCTTCTCTGCAGGGCAGCTGGCCATGGTGCAGGCCTCTCCT 3240
1061 V P F K F Q S F S A G Q L A M V Q A S P 1080

Exon 23

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
3241 GGGTTGAGCAACGAGAAGGGCATGGACGCCGTGTACCTTGGAAAGTCCAGCGCAGTGCCC 3300
1081 G L S N E K G M D A V S P W K S S A V P 1100

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
3301 ACTAAACACGCCAAGGTCTTGTTCGAGCGAGTGGTGGCAAGCCCATCGCCGTGCTCTGC 3360
1101 T K H A K V L F R A S G G K P I A V L C 1120

Exon 24

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
3361 CTGACTGTGGAGCTGCAGCCCCACGTGGTGGACCAGGTCTTCGCTTCTATCACCCGGAG 3420
1121 L T V E L Q P H V V D Q V F R F Y H P E 1140

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
3421 CTCTCCTTCTGAAGAAGGCCATCCGCCTGCCGCCCTGGCACACATTTCCAGGTGCTCCG 3480
1141 L S F L K K A I R L P P W H T F P G A P 1160

Exon 25

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
3481 GTGGGAATGCTTGGTGAGGACCCCCAGTCCATGTTCGCTGCAGCGACCCGAACGTCATC 3540
1161 V G M L G E D P P V H V R C S D P N V I 1180

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
3541 TGTGAGACCCAGAATGTGGGCCCGGGGAACACGGGACATATTTCTGAAGGTGGCCAGT 3600
1181 C E T Q N V G P G E P R D I F L K V A S 1200

Exon 26

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
3601 GGTCCAAGCCCGAGATCAAAGACTTCTTTGTCTCATTTACTCGGATCGCTGGCTGGCG 3660
1201 G P S P E I K D F F V I I Y S D R W L A 1220

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
3661 ACACCCACACAGACGTGGCAGGTCTACCTCCACTCCCTGCAGCGCGTGGATGTCTCCTGC 3720
1221 T P T Q T W Q V Y L H S L Q R V D V S C 1240

Exon 27

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
3721 GTCGAGGCCAGCTGACCCGCTGTCCCTTGTCTTCGGGGACACAGACAGTGAGGAAA 3780
1241 V A G Q L T R L S L V L R G T Q T V R K 1260

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
3781 GTGAGAGCTTTCACCTCTCATCCCCAGGAGCTGAAGACAGACCCCAAAGGTGTCTTCGTG 3840
1261 V R A F T S H P Q E L K T D P K G V F V 1280

Exon 28

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
3841 CTGCCGCTCGTGGGGTGCAGGACCTGCATGTTGGCGTGAGGCCCTTAGGGCCGGCAGC 3900
1281 L P P R G V Q D L H V G V R P L R A G S 1300

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
3901 CGCTTTGTCCATCTCAACCTGGTGGACGTGGATTGCCACCAGCTGGTGGCCTCCTGGCTC 3960
1301 R F V H L N L V D V D C H Q L V A S W L 1320

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
3961 GTGTGCCCTCTGCTGCCGCCAGCCGCTCATCTCCAAGGCCTTTGAGATCATGTTGGCTGCG 4020
1321 V C L C C R Q P L I S K A F E I M L A A 1340

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
4021 GGCGAAGGGAAGGGTGTCAACAAGAGGATCACCTACACCAACCCCTACCCCTCCCGGAGG 4080
1341 G E G K G V N K R I T Y T N P Y P S R R 1360

Exon 29

-----|-----|-----|-----|-----|-----|

4081 ACATTCCACCTGCACAGCGACCACCCGGAGCTGCTGCGGTTTCAGAGAGGACTCCTTCCAG 4140
1361 T F H L H S D H P E L L R F R E D S F Q 1380

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
4141 GTCGGGGGTGGAGAGACCTACACCATCGGCTTGCAGTTTGCGCCTAGTCAGAGAGTGGGT 4200
1381 V G G G E T Y T I G L Q F A P S Q R V G 1400

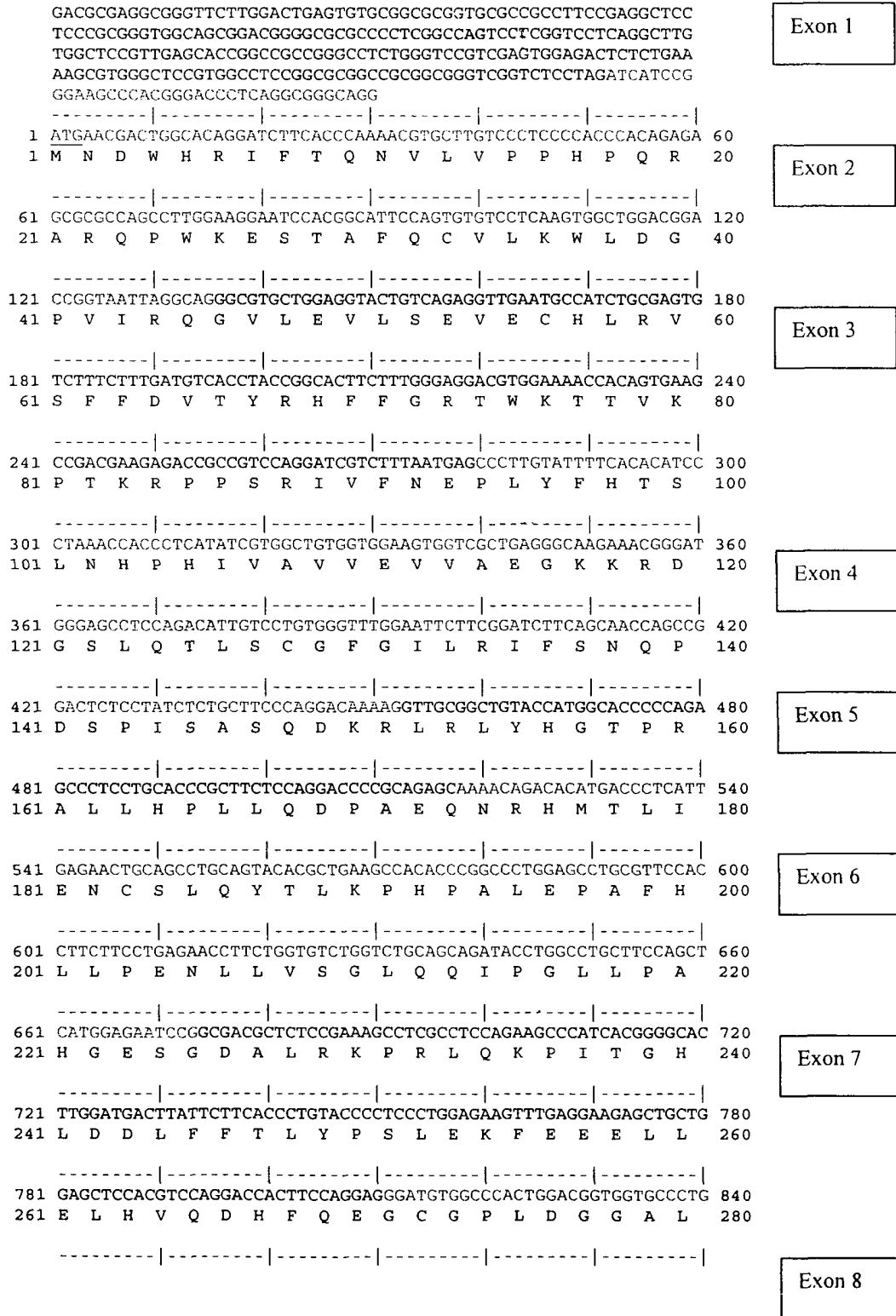
Exon 30

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
4201 GAGGAGGAGATCCTGATCTACATCAATGACCATGAGGACAAAAACGAAGAGGCATTTTGC 4260
1401 E E E I L I Y I N D H E D K N E E A F C 1420

-----|-----|-----|
4261 GTGAAGGTCATCTACCAGTGA 4281
1421 V K V I Y Q * 1426

GGGCTTGAGGGTGACGTCCCTTCCTGCGGCACCCAGCTGGGGCCTGTCTGTGCCCTCCCTG
CCCTGCAGGCTGTCCCTCCCGCCTCTCTGCAGCCTTTCACCTTCAGTGCCCACCTGGCTGA
CCTGTGCACTTGGCTGAGGAAGCAGAGACCGAGCGCTGGTCATTTTGTAGTACCTGCATC
CAGCTTAGCTGCTGCTGACACCCAGCAGGCCTGGGTTCCTGAGCGCGAACTCCGTGGTG
GTGGGTCTGGCTCTGGTGCTGCCATCTACGCATGTGGGACCCCTCGTTATCGCTGTTGCTC
AAAATGTATTTTATGAATCATCCTAAATGAGAAAATTATGTTTTTCTTACTGGATTTTGT
ACAAACATAATCTATTATTGCTATGCAATATTTTATGCTGGTATTATATCTGTTTTTTA
AATTGTTGAACAAAATACTAACTTTT

Figure 8



841 GAGATCCTGGAGCGGCGCCTGCGTGTGGGCGTGCACAATGGTCTGGGCTTCGTGCAGAGG 900
 281 E I L E R R L R V G V H N G L G F V Q R 300
 -----|-----|-----|-----|-----|-----|
 901 CCGCAGGTGCGTTGTACTGGTGCCTGAGATGGATGTGGCCTTGACGCGCTCAGCTAGCTTC 960
 301 P Q V V V L V P E M D V A L T R S A S F 320
 -----|-----|-----|-----|-----|-----|
 961 AGCAGGAAAGTGGTCTCCTCTTCCAAGACCACTCCGGGAGCCAAGCTCTGGTTTTGAGA 1020
 321 S R K V V S S S K T S S G S Q A L V L R 340
 -----|-----|-----|-----|-----|-----|
 1021 AGCCGCTCCGCTCCAGAGATGGTCCGCCACCCTGCATTTGCGGTCATCTCCAGCTG 1080
 341 S R L R L P E M V G H P A F A V I F Q L 360
 -----|-----|-----|-----|-----|-----|
 1081 GAGTACGTGTTTACGAGCCCTGCAGGAGTGGACGGCAATGCAGCTTCGGTCACCTCTCTG 1140
 361 E Y V F S S P A G V D G N A A S V T S L 380
 -----|-----|-----|-----|-----|-----|
 1141 TCCAACCTGGCATGCATGCACATGGTCCGCTGGGCTGTTTGGAAACCCTTGCTGGAAGCT 1200
 381 S N L A C M H M V R W A V W N P L L E A 400
 -----|-----|-----|-----|-----|-----|
 1201 GATTCTGAAGGGTGACCTGCCTCTGCAGGGTGGGATCCAGCCCAACCCTCGCACTGT 1260
 401 D S G R V T L P L Q G G I Q P N P S H C 420
 -----|-----|-----|-----|-----|-----|
 1261 CTGGTCTACAAGGTACCCTCAGCCAGCATGAGCTCTGAAGAGGTGAAGCAGGTGGAGTCG 1320
 421 L V Y K V P S A S M S S E E V K Q V E S 440
 -----|-----|-----|-----|-----|-----|
 1321 GGTACACTCCGGTTCCAGTTCTCGCTGGGCTCAGAAGAACCTGGATGCACCCACGGAG 1380
 441 G T L R F Q F S L G S E E H L D A P T E 460
 -----|-----|-----|-----|-----|-----|
 1381 CCTGTCTAGTGGCCCCAAAGTGGAGCGGCGGCCTTCCAGGAAACCACCCACGTCCCCTTCG 1440
 461 P V S G P K V E R R P S R K P P T S P S 480
 -----|-----|-----|-----|-----|-----|
 1441 AGCCCGCCAGCGCCAGTACCTCGAGTTCTCGCTGCCCGCAGAACTCACCTGTGGGACCA 1500
 481 S P P A P V P R V L A A P Q N S P V G P 500
 -----|-----|-----|-----|-----|-----|
 1501 GGGTTGTCAATTTCCAGCTGGCGGCCTCCCCGCGGTCCCGACTCAGCACTGCTTGGCC 1560
 501 G L S I S Q L A A S P R S P T Q H C L A 520
 -----|-----|-----|-----|-----|-----|
 1561 AGGCCTACTTCACAGCTACCCCATGGCTCTCAGGCCTCCCGGCCAGGCACAGGAGTTC 1620
 521 R P T S Q L P H G S Q A S P A Q A Q E F 540
 -----|-----|-----|-----|-----|-----|
 1621 CCGTTGGAGGCCGTATCTCCACCTGGAAGCCGACCTGAGCCAGACCTCCCTGGTCTG 1680
 541 P L E A G I S H L E A D L S Q T S L V L 560
 -----|-----|-----|-----|-----|-----|
 1681 GAAACATCCATTGCCGAACAGTTACAGGAGCTGCCGTTACGCCTTTGCATGCCCTATT 1740
 561 E T S I A E Q L Q E L P F T P L H A P I 580
 -----|-----|-----|-----|-----|-----|
 1741 GTTGTGGGAACCCAGACCAGGAGCTCTGCAGGGCAGCCCTCGAGAGCCTCCATGGTGTCT 1800
 581 V V G T Q T R S S A G Q P S R A S M V L 600
 -----|-----|-----|-----|-----|-----|
 1801 CTGCAGTCTCCGCTTTCCCGAGATTCTGGATGCCAATAAACAGCCAGCCGAGGCTGTC 1860
 601 L Q S S G F P E I L D A N K Q P A E A V 620
 -----|-----|-----|-----|-----|-----|
 1861 AGCGCTACAGAACCTGTGACGTTTAACCCTCAGAAGGAAGAATCAGATTGTCTACAAAGC 1920
 621 S A T E P V T F N P Q K E E S D C L Q S 640

Exon 9

Exon 10

Exon 11

Exon 12

Exon 13

Exon 14

Exon 15

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1921 AACGAGATGGTGCTACAGTTTCTTGCCTTTAGCAGAGTGGCCCAGGACTGCCGAGGAACA 1980
641 N E M V L Q F L A F S R V A Q D C R G T 660

Exon 16

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1981 TCATGGCCAAAGACTGTGTATTTTACCTTCCAGTTCTACCGCTTCCCACCCGCAACGACG 2040
661 S W P K T V Y F T F Q F Y R F P P A T T 680

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2041 CCACGACTGCAGCTGGTCCAGCTGGATGAGGCCGCCAGCCAGCTCTGGCGCCCTGACC 2100
681 P R L Q L V Q L D E A G Q P S S G A L T 700

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2101 CACATCCTCGTGCCTGTGAGCAGAGATGGCACCTTTGATGCTGGGTCTCCTGCCTTCCAG 2160
701 H I L V P V S R D G T F D A G S P G F Q 720

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2161 CTGAGGTACATGGTGGGCCCTGGGTTCCCTGAAGCCAGGTGAGCGGCGTGCTTTGCCCGC 2220
721 L R Y M V G P G F L K P G E R R C F A R 740

Exon 17

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2221 TACCTGGCCGTGCAGACCTGCAGATTGACGTCTGGGACGGAGACTCCCTGCTGCTCATC 2280
741 Y L A V Q T L Q I D V W D G D S L L L I 760

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2281 GGATCTGCTGCCGTCCAGATGAAGCATCTCCTCCGCCAAGGCCGCCGCTGTGCAGGCC 2340
761 G S A A V Q M K H L L R Q G R P A V Q A 780

Exon 18

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2341 TCCCACGAGCTTGAGGTCTGGCAACTGAATACGAGCAGGACAACATGGTGGTGAGTGGA 2400
781 S H E L E V V A T E Y E Q D N M V V S G 800

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2401 GACATGCTGGGGTTTGGCCGCGTCAAGCCCATCGGCGTCCACTCGGTGGTGAAGGGCCGG 2460
801 D M L G F G R V K P I G V H S V V K G R 820

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2461 CTGCACCTGACTTTGGCCAACGTGGGTCAACCCGTGTGAACAGAAAGTGAGAGTTGTAGC 2520
821 L H L T L A N V G H P C E Q K V R G C S 840

Exon 19

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2521 ACATTGCCACCGTCCAGATCTCGGGTCATCTCAAACGATGGAGCCAGCCGCTTCTCTGGA 2580
841 T L P P S R S R V I S N D G A S R F S G 860

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2581 GGCAGCCTCCTCAGACTGGAAGCTCAAGGCGAAAACAGTGGTGCAAGCACAGAAGCTG 2640
861 G S L L T T G S S R R K H V V Q A Q K L 880

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2641 GCGGACGTGGACAGTGAGCTGGCTGCCATGCTACTGACCCATGCCCGCAGGGCAAGGGG 2700
881 A D V D S E L A A M L L T H A R Q G K G 900

Exon 20

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2701 CCCCAGGACGTCAGCCGCGAGTCGGATGCCACCCGAGCGTAAGCTGGAGCGGATGAGG 2760
901 P Q D V S R E S D A T R R R K L E R M R 920

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2761 TCTGTGCGCCTGCAGGAGGCCGGGGGAGACTTGGGCCGCGCGGGACGAGCGTGTGGCG 2820
921 S V R L Q E A G G D L G R R G T S V L A 940

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2821 CAGCAGAGCGTCCGCACACAGCACTTGGGGACCTACAGGTATCGCCGCTACCGGGAA 2880
941 Q Q S V R T Q H L R D L Q V I A A Y R E 960

Exon 21

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2881 CGCACGAAGCCGAGAGCATCGCCAGCCTGCTGAGCCTGGCCATCACCACGGAGCACACG 2940
961 R T K A E S I A S L L S L A I T T E H T 980

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2941 CTCCACGCCACGCTGGGGTTCGCCGAGTTCTTTGAGTTTGTGCTTAAGAACCCCCACAAC 3000
981 L H A T L G V A E F F E F V L K N P H N 1000

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
3001 ACACAGCACACGGTGA CTGTGGAGATCGACAACCCGAGCTCAGCGTCATCGTGGACAGT 3060
1001 T Q H T V T V E I D N P E L S V I V D S 1020

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
3061 CAGGAGTGGAGGGACTTCAAGGGTGCTGCTGGCCTGCACACACCGGTGGAGGAGGACATG 3120
1021 Q E W R D F K G A A G L H T P V E E D M 1040

Exon 22

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
3121 TTCCACCTGCGTGGCAGCCTGGCCCCCAGCTCTACCTGCGCCCCACGAGACCGCCAC 3180
1041 F H L R G S L A P Q L Y L R P H E T A H 1060

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
3181 GTCCCTTCAAGTTCCAGAGCTTCTCTGCAGGGCAGCTGGCCATGGTGCAGGCCTCTCCT 3240
1061 V P F K F Q S F S A G Q L A M V Q A S P 1080

-----|-----|-----F3013272delT-----|-----|-----|
3241 GGGTTGAGCAACGAGAAGGGCATGGACGCCGG-TCACCTTGGAAAGTCCAGCGCAGTGCCC 3300
1081 G L S N E K G M D A G H L G S P A Q C F 1100

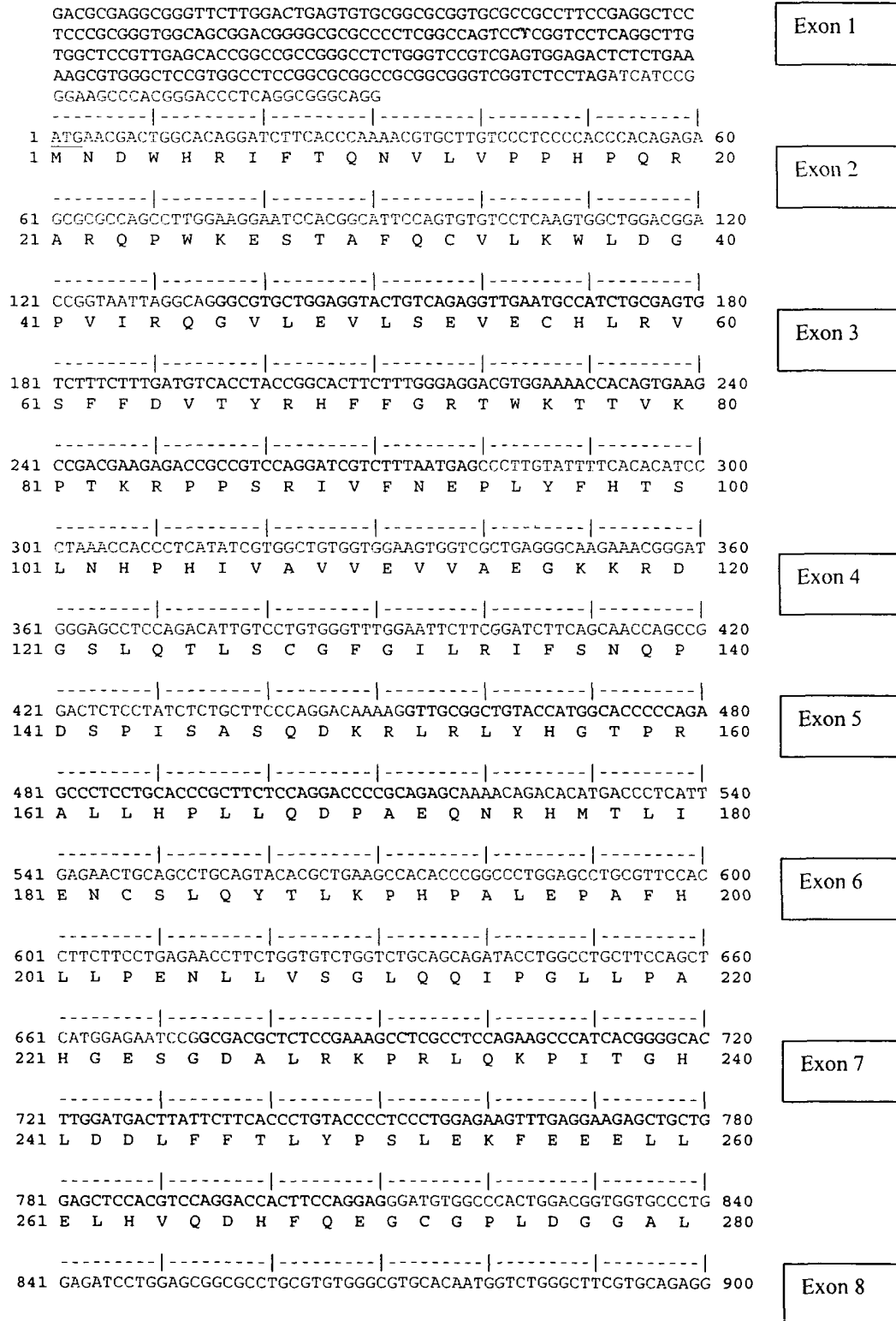
Exon 23

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
3301 ACTAAACACGCCAAGGTCTTGTCCGAGCGAGTGGTGGCAAGCCCATCGCCGTGCTCTGC 3360
1101 L N T F R S C S E R V V A S P S P C S A 1120

Exon 24

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
3361 CTGA
1121 X

Figure 9




```

281 E I L E R R L R V G V H N G L G F V Q R 300
-----|-----|-----|-----|-----|
901 CCGCAGGTCGTTGTACTGGTGCCTGAGATGGATGTGGCCTTGACGCGCTCAGCTAGCTTC 960
301 P Q V V V L V P E M D V A L T R S A S F 320
-----|-----|-----|-----|-----|
961 AGCAGGAAAGTGGTCTCCTCTTCCAAGACCAGCTCCGGGAGCCAAGCTCTGGTTTTGAGA 1020
321 S R K V V S S S K T S S G S Q A L V L R 340
-----|-----|-----|-----|-----|
1021 AGCCGCCTCCGCCTCCCAGAGATGGTCGGCCACCCTGCATTGCGGTCATCTTCCAGCTG 1080
341 S R L R L P E M V G H P A F A V I F Q L 360
-----|-----|-----|-----|-----|
1081 GAGTACGTGTTTCAGCAGCCCTGCAGGAGTGGACGGCAATGCAGCTTCGGTCACCTCTCTG 1140
361 E Y V F S S P A G V D G N A A S V T S L 380
-----|-----|-----|-----|-----|
1141 TCCAACCTGGCATGCATGCACATGGTCCGCTGGGCTGTTTGGAAACCCCTTGCTGGAAGCT 1200
381 S N L A C M H M V R W A V W N P L L E A 400
-----|-----|-----|-----|-----|
1201 GATTCTGGAAGGGTGACCCTGCCTCTGCAGGGTGGGATCCAGCCCAACCCCTCGCACTGT 1260
401 D S G R V T L P L Q G G I Q P N P S H C 420
-----|-----|-----|-----|-----|
1261 CTGGTCTACAAGGTACCCTCAGCCAGCATGAGCTCTGAAGAGGTGAAGCAGGTGGAGTCG 1320
421 L V Y K V P S A S M S S E E V K Q V E S 440
-----|F321|TC1334-1335AA
1321 GGTACACTCCGGTAA
441 G T L R X

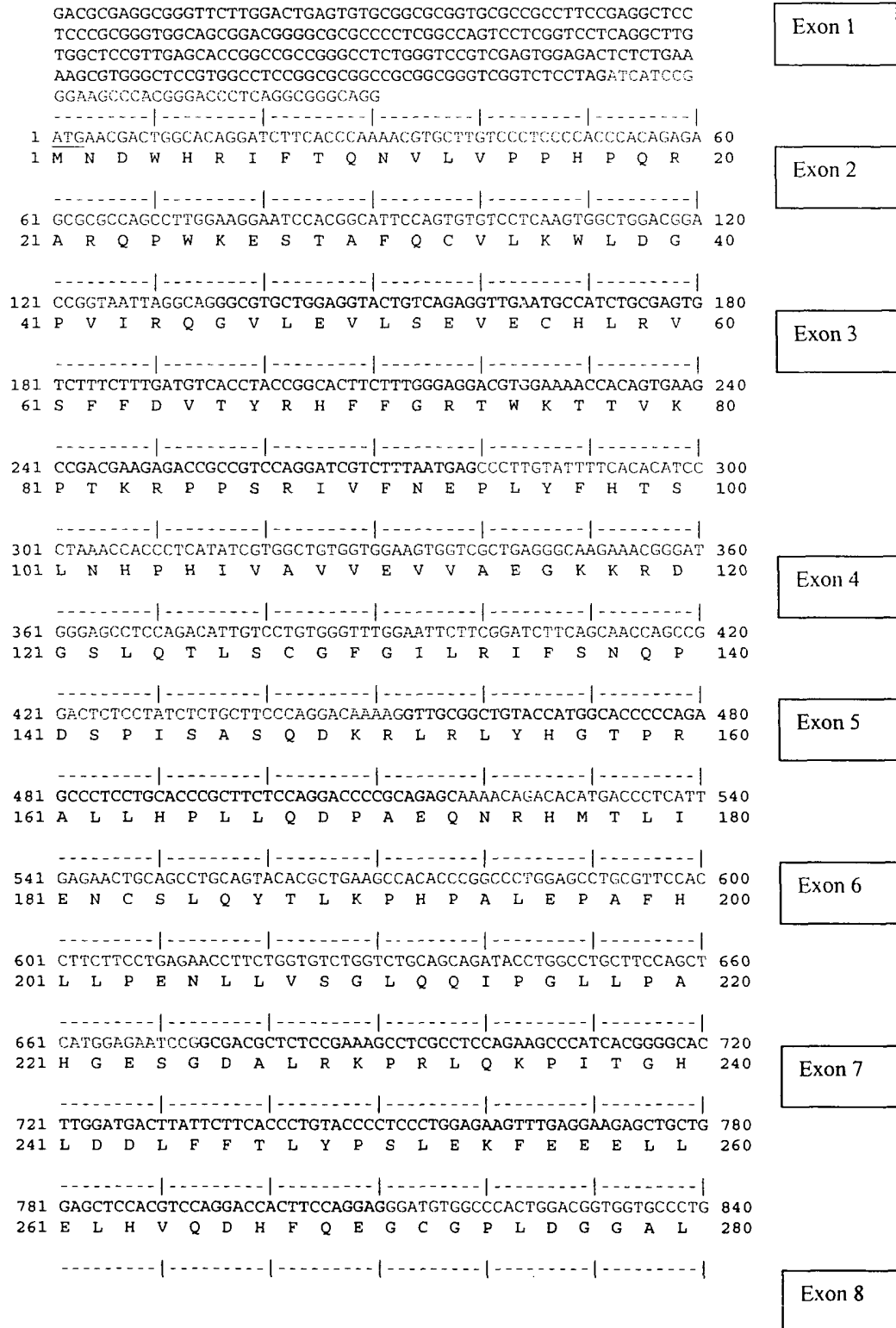
```

Exon 9

Exon 10

Exon 11

Figure 10



841 GAGATCCTGGAGCGGCGCCTGCGTGTGGGCGTGACAAATGGTCTGGGCTTCGTGCAGAGG 900
 281 E I L E R R L R V G V H N G L G F V Q R 300
 -----|-----|-----|-----|-----|-----|
 901 CCGCAGGTCGTTGTAAGTGGTGGATGGATGGCTTGACGCGCTCAGCTAGCTTC 960
 301 P Q V V V L V P E M D V A L T R S A S F 320
 -----|-----|-----|-----|-----|-----|
 961 AGCAGGAAAGTGGTCTCTCTTCCAAGACCAGCTCCGGGAGCCAAGCTCTGGTTTGA 1020
 321 S R K V V S S S K T S S G S Q A L V L R 340
 -----|-----|-----|-----|-----|-----|
 1021 AGCCGCTCCGCTCCAGAGATGGTCGGCCACCCTGCATTTGCGGTCTCTCCAGCTG 1080
 341 S R L R L P E M V G H P A F A V I F Q L 360
 -----|-----|-----|-----|-----|-----|
 1081 GAGTACGTGTTTACAGCAGCCTGCAGGAGTGGACGGCAATGCAGCTTCGGTCACTCTCTG 1140
 361 E Y V F S S P A G V D G N A A S V T S L 380
 -----|-----|-----|-----|-----|-----|
 1141 TCCAACCTGGCATGCATGCACATGGTCCGCTGGGCTGTTTGAACCCCTTGCTGGAAGCT 1200
 381 S N L A C M H M V R W A V W N P L L E A 400
 -----|-----|-----|-----|-----|-----|
 1201 GATTCTGGAAGGTGACCTGCCTCTGCAGGGTGGGATCCAGCCCAACCCCTCGCACTGT 1260
 401 D S G R V T L P L Q G G I Q P N P S H C 420
 -----|-----|-----|-----|-----|-----|
 1261 CTGGTCTACAAGGTACCTCAGCCAGCATGAGCTCTGAAGAGGTGAAGCAGGTGGAGTCG 1320
 421 L V Y K V P S A S M S S E E V K Q V E S 440
 -----|-----|-----|-----|-----|-----|
 1321 GGTACACTCCGGTTCCAGTTCTCGCTGGGCTCAGAAGAACCTGGATGCACCCACGGAG 1380
 441 G T L R F Q F S L G S E E H L D A P T E 460
 -----|-----|-----|-----|-----|-----|
 1381 CCTGTCACTGGGCCCCAAGTGGAGCGGCGCCTTCCAGGAAACACCCACGTCCCTTCG 1440
 461 P V S G P K V E R R P S R K P P T S P S 480
 -----|-----|-----|-----|-----|-----|
 1441 AGCCCCCAGCGCCAGTACCTCGAGTTCTCGCTGCCCGCAGAACTCAGCTGTGGGACCA 1500
 481 S P P A P V P R V L A A P Q N S P V G P 500
 -----|-----|-----|-----|-----|-----|
 1501 GGGTTGTCAATTTCCAGCTGGCGGCCTCCCGGGTCCCGACTCAGCACTGCTTGGCC 1560
 501 G L S I S Q L A A S P R S P T Q H C L A 520
 -----|-----|-----|-----|-----|-----|
 1561 AGGCCTACTTACAGCTACCCCATGGCTCTCAGGCCTCCCGGCCAGGCACAGGAGTTC 1620
 521 R P T S Q L P H G S Q A S P A Q A Q E F 540
 -----|-----|-----|-----|-----|-----|
 1621 CCGTTGGAGGCCGGTATCTCCACCTGGAAGCCGACCTGAGCCAGACCTCCCTGGTCCTG 1680
 541 P L E A G I S H L E A D L S Q T S L V L 560
 -----|-----|-----|-----|-----|-----|
 1681 GAAACATCCATTGCCGAACAGTTACAGGAGCTGCCGTTTACGCCTTTGCATGCCCTATT 1740
 561 E T S I A E Q L Q E L P F T P L H A P I 580
 -----|-----|-----|-----|-----|-----|
 1741 GTTGTGGGAACCCAGACCAGGAGCTCTGCAGGGCAGCCCTCGAGAGCTCCATGGTGCTC 1800
 581 V V G T Q T R S S A G Q P S R A S M V L 600
 -----|-----|-----|-----|-----|-----|
 1801 CTGCAGTCTCCGGCTTTCCGAGATTCTGGATGCCAATAAACAGCCAGCCGAGGCTGT 1860
 601 L Q S S G F P E I L D A N K Q P A E A V 620
 -----|-----|-----|-----|-----|-----|
 1861 AGCGCTACAGAACCTGTGACGTTTAACCTCAGAAGGAAGAATCAGATTGTCTACAAAGC 1920
 621 S A T E P V T F N P Q K E E S D C L Q S 640

Exon 9

Exon 10

Exon 11

Exon 12

Exon 13

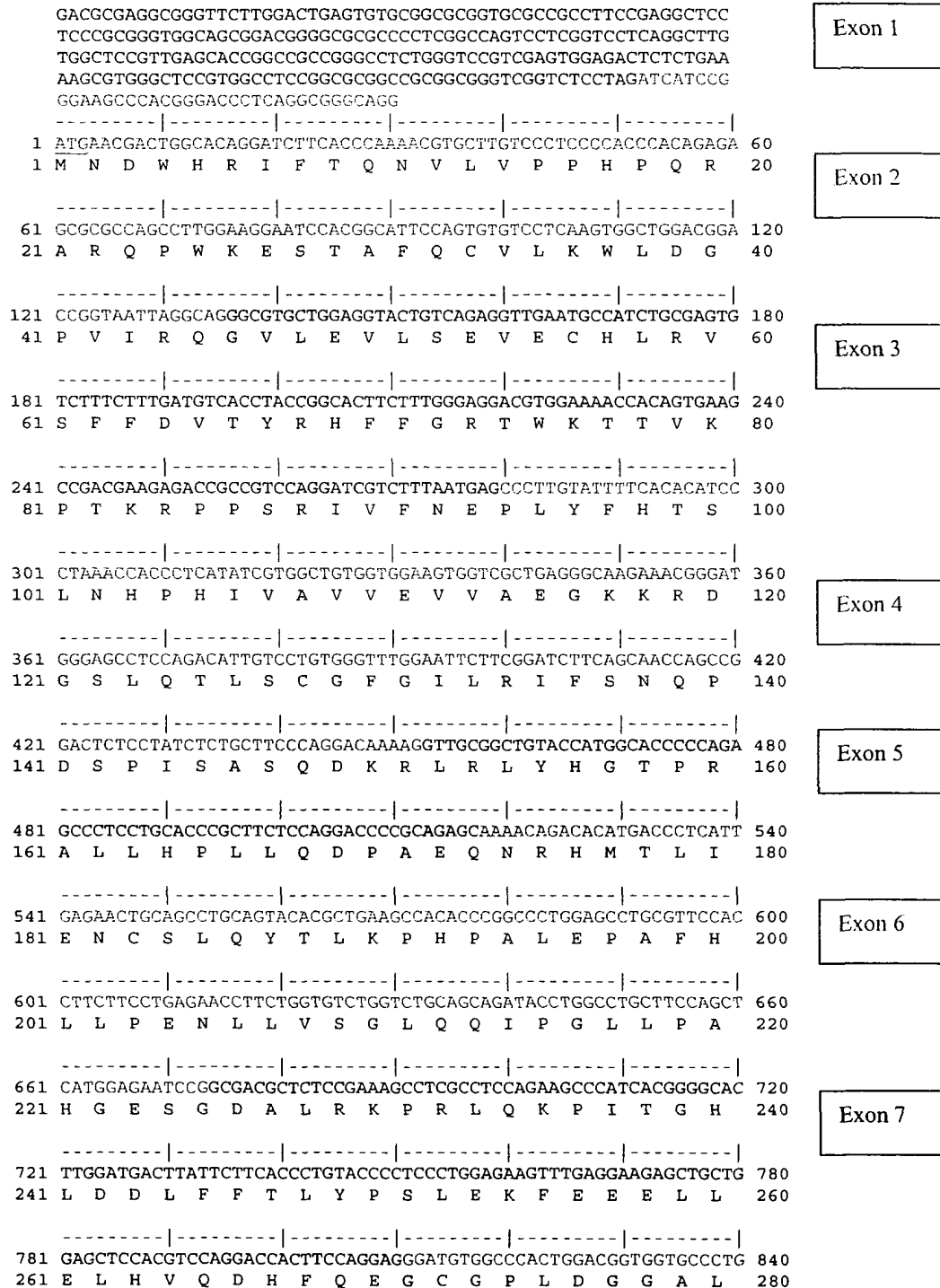
Exon 14

Exon 15

-----|-----|-----|-----|-----F60|C1972T-|
1921 AACGAGATGGTGCTACAGTTTCTTGCCTTTAGCAGAGTGGCCCAGGACTGCTGA
641 N E M V L Q F L A F S R V A Q D C X

Exon 16

Figure 11



-----|-----|-----|-----|-----|-----|
841 GAGATCCTGGAGCGGCGCCTGCGTGTGGGCGTGCACAATGGTCTGGGCTTCGTGCAGAGG 900
281 E I L E R R L R V G V H N G L G F V Q R 300 Exon 8

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
901 CCGCAGGTGCGTTGTAAGTGGTGCCTGAGATGGATGTGGCCTTGACGCGCTCAGCTAGCTTC 960
301 P Q V V V L V P E M D V A L T R S A S F 320

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
961 AGCAGGAAAGTGGTCTCCTCTTCCAAGACCAGCTCCGGGAGCCAAGCTCTGGTTTTGAGA 1020
321 S R K V V S S S K T S S G S Q A L V L R 340 Exon 9

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1021 AGCGCGCTCCGCTCCAGAGATGGTCGGCCACCCTGCATTTCGGGTCTCTCCAGCTG 1080
341 S R L R L P E M V G H P A F A V I F Q L 360

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1081 GAGTACGTGTTTACAGCAGCCTGCAGGAGTGGACGGCAATGCAGCTTCGGTCCACCTCTCTG 1140
361 E Y V F S S P A G V D G N A A S V T S L 380

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1141 TCCAACCTGGCATGCATGCACATGGTCCGCTGGGCTGTTTGGAAACCCCTTGCTGGAAGCT 1200
381 S N L A C M H M V R W A V W N P L L E A 400 Exon 10

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1201 GATTCTGGAAGGTGACCCTGCCTCTGCAGGGTGGGATCCAGCCCAACCCCTCGCACTGT 1260
401 D S G R V T L P L Q G G I Q P N P S H C 420

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1261 CTGGTCTACAAGTACCCTCAGCCAGCATGAGCTCTGAAGAGGTGAAGCAGGTGGAGTCG 1320
421 L V Y K V P S A S M S S E E V K Q V E S 440 Exon 11

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1321 GGTACACTCCGGTTCAGTTCTCGCTGGGCTCAGAAGAACACCTGGATGCACCCACGGAG 1380
441 G T L R F Q F S L G S E E H L D A P T E 460

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1381 CCTGTCACTGGCCCCAAGTGGAGCGGCGGCTTCCAGGAAACACCCACGTCCTTCG 1440
461 P V S G P K V E R R P S R K P P T S P S 480

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1441 AGCCCGCCAGCGCCAGTACCTCGAGTTCTCGCTGCCCCGAGAACTCACCTGTGGGACCA 1500
481 S P P A P V P R V L A A P Q N S P V G P 500 Exon 12

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1501 GGGTTGTCAATTTCCAGCTGGCGGCTCCCGCGGTCCCGACTCAGCACTGCTTGGCC 1560
501 G L S I S Q L A A S P R S P T Q H C L A 520 Exon 13

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1561 AGGCTACTTACAGCTACCCCATGGCTCTCAGGCCTCCCGGCCAGGCACAGGAGTTC 1620
521 R P T S Q L P H G S Q A S P A Q A Q E F 540

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1621 CCGTTGGAGGCCGGTATCTCCACCTGGAAGCCGACCTGAGCCAGACCTCCCTGGTCTG 1680
541 P L E A G I S H L E A D L S Q T S L V L 560 Exon 14

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1681 GAAACATCCATTGCCGAACAGTTACAGGAGCTGCCGTTACGCCTTTGCATGCCCCTATT 1740
561 E T S I A E Q L Q E L P F T P L H A P I 580

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1741 GTTGTGGGAACCCAGACCAGGAGCTCTGCAGGGCAGCCCTCGAGAGCCTCCATGGTGCTC 1800
581 V V G T Q T R S S A G Q P S R A S M V L 600 Exon 15

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1801 CTGAGTCTCCGCTTTCCGAGATTCTGGATGCCAATAACAGCCAGCCGAGGCTGTC 1860
601 L Q S S G F P E I L D A N K Q P A E A V 620

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1861 AGCGCTACAGAACCTGTGACGTTTAACCTCAGAAGGAAGAATCAGATTGTCTACAAAGC 1920
621 S A T E P V T F N P Q K E E S D C L Q S 640

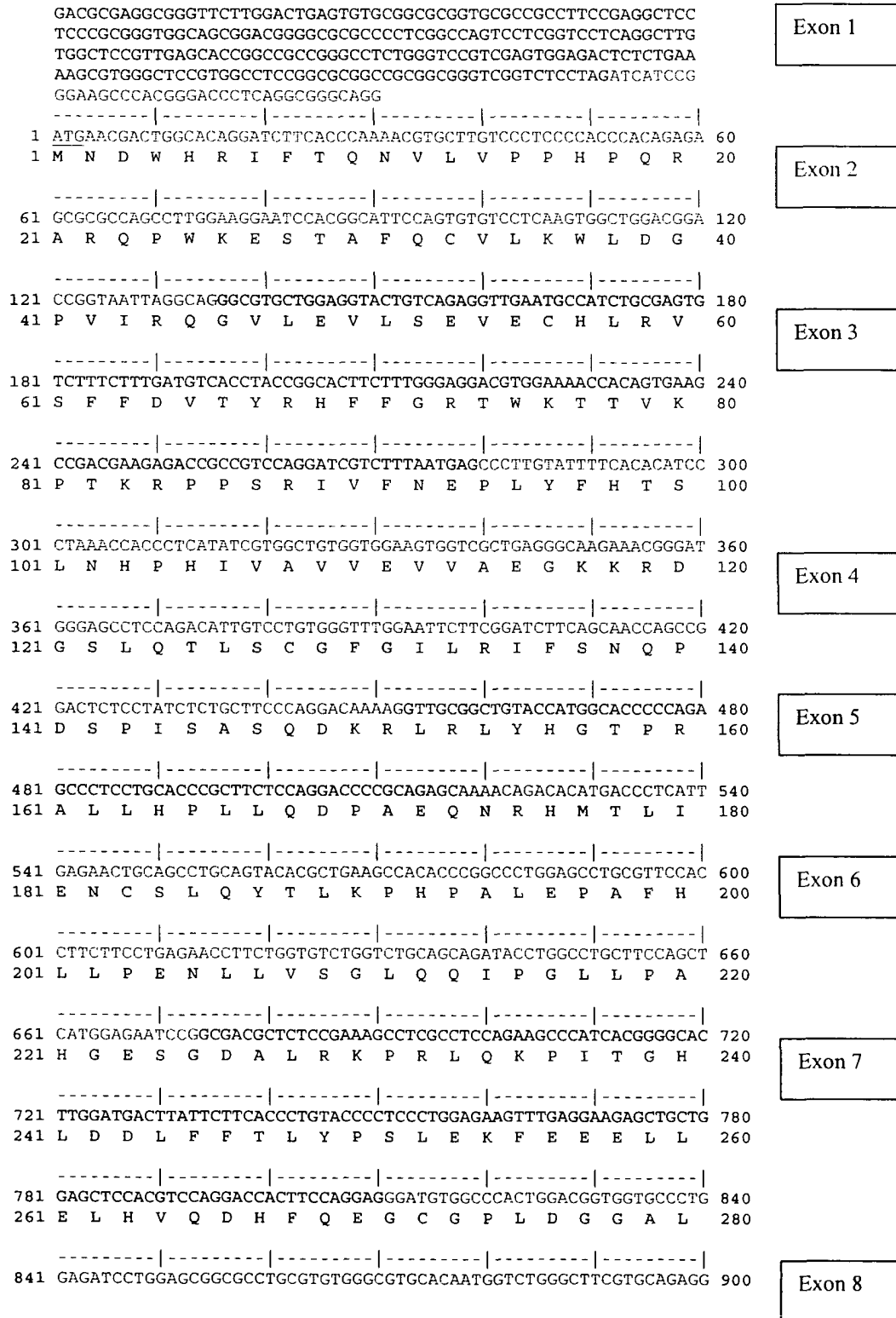
-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1921 AACGAGATGGTGCTACAGTTTCTTGCCTTTAGCAGAGTGGCCCAGGACTGCCGAGGAACA 1980
641 N E M V L Q F L A F S R V A Q D C R G T 660

Exon 16

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1981 TCATGGCCAAAGACTGTGTATTTCACTTCCAGTTCTACCGCTTCCCACCCGCAACGACG 2040
661 S W P K T V Y F T F Q F Y R F P P A T T 680

F4614C2044T
2041 CCATGA
681 P A

Figure 12




```

281 E I L E R R L R V G V H N G L G F V Q R 300
-----|-----|-----|-----|-----|-----|
901 CCGCAGGTCGTTGTAAGTGGTGCCTGAGATGGATGTGGCCTTGACGCGCTCAGCTAGCTTC 960
301 P Q V V V L V P E M D V A L T R S A S F 320
-----|-----|-----|-----|-----|-----|
961 AGCAGGAAAGTGGTCTCCTCTTCCAAGACCAGCTCCGGGAGCCAAGCTCTGGTTTTGAGA 1020
321 S R K V V S S S K T S S G S Q A L V L R 340
-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1021 AGCGCGCTCCGCCTCCCAGAGATGGTCGGCCACCCTGCATTGCGGTTCATCTCCAGCTG 1080
341 S R L R L P E M V G H P A F A V I F Q L 360
-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1081 GAGTACGTGTTTCAGCAGCCCTGCAGGAGTGGACGGCAATGCAGCTTCGGTTCACCTCTCTG 1140
361 E Y V F S S P A G V D G N A A S V T S L 380
-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1141 TCCAACCTGGCATGCATGCACATGGTCCGCTGGGCTGTTTGGAAACCCCTTGCTGGAAGCT 1200
381 S N L A C M H M V R W A V W N P L L E A 400
-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1201 GATTCTGGAAGGTGACCCTGCCTCTGCAGGGTGGGATCCAGCCCAACCCCTCGCACTGT 1260
401 D S G R V T L P L Q G G I Q P N P S H C 420
-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1261 CTGGTCTACAAGGTACCCTCAGCCAGCATGAGCTCTGAAGAGGTGAAGCAGGTGGAGTCG 1320
421 L V Y K V P S A S M S S E E V K Q V E S 440
-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1321 GGTACACTCCGGTTCAGTTCTCGCTGGGCTCAGAAGAACACCTGGATGCACCCACGGAG 1380
441 G T L R F Q F S L G S E E H L D A P T E 460
-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1381 CCTGTCACTGGCCCCAAAGTGGAGCGGCGGCCTTCCAGGAAACACCCACGTCCCCCTCG 1440
461 P V S G P K V E R R P S R K P P T S P S 480
-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1441 AGCCCGCCAGCGCCAGTACCTCGAGTTCTCGCTGCCCCGAGAAGTACCTGTGGGACCA 1500
481 S P P A P V P R V L A A P Q N S P V G P 500
-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1501 GGGTTGTCAATTTCCAGCTGGCGGCCTCCCCGCGGTCCCCGACTCAGCACTGCTTGGCC 1560
501 G L S I S Q L A A S P R S P T Q H C L A 520
-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1561 AGGCCTACTTCACAGCTACCCCATGGCTCTCAGGCCTCCCCGGCCAGGCACAGGAGTTC 1620
521 R P T S Q L P H G S Q A S P A Q A Q E F 540
-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1621 CCGTTGGAGGCCGGTATCTCCACCTGGAAGCCGACCTGAGCCAGACCTCCCTGGTCCTG 1680
541 P L E A G I S H L E A D L S Q T S L V L 560
-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1681 GAAACATCCATTGCCGAACAGTTACAGGAGCTGCCGTTACGCCTTTGCATGCCCCTATT 1740
561 E T S I A E Q L Q E L P F T P L H A P I 580
-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1741 GTTGTGGGAACCCAGACCAGGAGCTCTGCAGGGCAGCCCTCGAGAGCCTCCATGGTGCTC 1800
581 V V G T Q T R S S A G Q P S R A S M V L 600
-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1801 CTGCAGTCCTCCGGCTTTCCCGAGATTCTGGATGCCAATAACAGCCAGCCGAGGCTGTC 1860
601 L Q S S G F P E I L D A N K Q P A E A V 620
-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1861 AGCGCTACAGAACCTGTGACGTTTAACCTCAGAAGGAAGAATCAGATTGTCTACAAAGC 1920
621 S A T E P V T F N P Q K E E S D C L Q S 640
-----|-----|-----|-----|-----|-----|

```

Exon 9

Exon 10

Exon 11

Exon 12

Exon 13

Exon 14

Exon 15

1921 AACGAGATGGTGCTACAGTTTCTTGCCTTTAGCAGAGTGGCCCAGGACTGCCGAGGAACA 1980
641 N E M V L Q F L A F S R V A Q D C R G T 660

Exon 16

1981 TCATGGCCAAAGACTGTGTATTTACCTTCCAGTTCTACCGCTTCCCACCCGCAACGACG 2040
661 S W P K T V Y F T F Q F Y R F P P A T T 680

2041 CCACGACTGCAGCTGGTCCAGCTGGATGAGGCCGGCCAGCCAGCTCTGGCGCCCTGACC 2100
681 P R L Q L V Q L D E A G Q P S S G A L T 700

2101 CACATCCTCGTGCTGTGAGCAGAGATGGCACCTTTGATGTGGGTCTCCTGGCTTCCAG 2160
701 H I L V P V S R D G T F D A G S P G F Q 720

2161 CTGAGGTACATGGTGGGCCCTGGGTTCCTGAAGCCAGGTGAGCGGCCTGCTTTGCCCGC 2220
721 L R Y M V G P G F L K P G E R R C F A R 740

Exon 17

2221 TACCTGGCCGTGCAGACCTGCAGATTGACGCTGGGACGGAGACTCCCTGCTGCTCATC 2280
741 Y L A V Q T L Q I D V W D G D S L L L I 760

2281 GGATCTGTGCCGTCCAGATGAAGCATCTCCTCCGCCAAGGCCGGCCGCTGTGCAGGCC 2340
761 G S A A V Q M K H L L R Q G R P A V Q A 780

Exon 18

2341 TCCACGAGCTTGAGGTGCTGGCAACTGAATACGAGCAGGACAACATGGTGGTGAGTGGA 2400
781 S H E L E V V A T E Y E Q D N M V V S G 800

2401 GACATGCTGGGGTTTGGCCGCGTCAAGCCCATCGGCGTCCACTCGGTGGTGAAGGGCCGG 2460
801 D M L G F G R V K P I G V H S V V K G R 820

2461 CTGCACCTGACTTTGGGCCAAGTGGGTACCCGTGTGAACAGAAAGTGAGAGTTGTAGC 2520
821 L H L T L A N V G H P C E Q K V R G C S 840

Exon 19

2521 ACATTGCCACCGTCCAGATCTTGGGTCTCTCAAACGATGGAGCCAGCCGCTTCTCTGGA 2580
841 T L P P S R S W V I S N D G A S R F S G 860

2581 GGCAGCCTCTCAGACTGGAAGCTCAAGGCGAAAACAGTGGTGCAAGCACAGAAGCTG 2640
861 G S L L T T G S S R R K H V V Q A Q K L 880

Exon 20

2641 GCGGACGTGGACAGTGAGCTGGCTGCCATGCTACTGACCCATGCCCGCAGGGCAAGGGG 2700
881 A D V D S E L A A M L L T H A R Q G K G 900

2701 CCCCAGGACGTACGCCGCGAGTCGGATGCCACCCGCGAGCGTAAGCTGGAGCGGATGAGG 2760
901 P Q D V S R E S D A T R R R K L E R M R 920

2761 TCTGTGCGCCTGCAGGAGGCCGGGGAGACTTGGGCCGCGCGGGACGAGCGTGTGGCG 2820
921 S V R L Q E A G G D L G R R G T S V L A 940

Exon 21

2821 CAGCAGAGCGTCCGCACACAGCACTTGCGGGACCTACAGGTCTCGCCGCTACCGGGAA 2880
941 Q Q S V R T Q H L R D L Q V I A A Y R E 960

2881 CGCACGAAGGCCGAGAGCATCGCCAGCCTGCTGAGCCTGGCCATCACCACGGAGCACACG 2940
961 R T K A E S I A S L L S L A I T T E H T 980

2941 CTCCACGCCACGCTGGGGTTCGCCGAGTTCTTTGAGTTTGTGCTTAAGAACCCCCACAAC 3000
981 L H A T L G V A E F F E F V L K N P H N 1000

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
3001 ACACAGCACACGGTGACTGTGGAGATCGACAACCCCGAGCTCAGCGTCATCGTGGACAGT 3060
1001 T Q H T V T V E I D N P E L S V I V D S 1020

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
3061 CAGGAGTGGAGGAGTCAAGGGTGCTGCTGGCCTGCACACACCGGTGGAGGAGGACATG 3120
1021 Q E W R D F K G A A G L H T P V E E D M 1040

Exon 22

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
3121 TTCCACCTGCGTGGCAGCCTGGCCCCCAGCTCTACCTGCGCCCCACGAGACCGCCAC 3180
1041 F H L R G S L A P Q L Y L R P H E T A H 1060

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
3181 GTCCCTTCAAGTTCAGAGCTTCTCTGAGGGCAGCTGGCCATGGTGCAGGCCTCTCCT 3240
1061 V P F K F Q S F S A G Q L A M V Q A S P 1080

Exon 23

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
3241 GGGTTGAGCAACGAGAAGGGCATGGACGCCGTGTACCTTGGAGTCCAGCGCAGTGCCC 3300
1081 G L S N E K G M D A V S P W K S S A V P 1100

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
3301 ACTAAACACGCCAAGGTCTTGTTCGAGCGAGTGGTGGCAAGCCCATCGCCGTGCTCTGC 3360
1101 T K H A K V L F R A S G G K P I A V L C 1120

Exon 24

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
3361 CTGACTGTGGAGCTGCAGCCCCACGTGGTGGACCAGGTCTTCCGCTTCTATCACCCGGAG 3420
1121 L T V E L Q P H V V D Q V F R F Y H P E 1140

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
3421 CTCTCCTTCCTGAAGAAGGCCATCCGCCTGCCGCCCTGGCACACATTTCCAGGTGCTCCG 3480
1141 L S F L K K A I R L P P W H T F P G A P 1160

Exon 25

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
3481 GTGGGAATGCTTGGTGAGGACCCCCAGTCCATGTTTCGCTGCAGCGACCCGAACGTCATC 3540
1161 V G M L G E D P P V H V R C S D P N V I 1180

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
3541 TGTGAGACCCAGAATGTGGGCCCGGGGAACCACGGGACATATTTCTGAAGGTGGCCAGT 3600
1181 C E T Q N V G P G E P R D I F L K V A S 1200

Exon 26

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
3601 GGTCCAAGCCCGGAGATCAAAGACTTCTTTGTTCATCAATTTACTCGGATCGCTGGCTGGCG 3660
1201 G P S P E I K D F F V I I Y S D R W L A 1220

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
3661 ACACCCACACAGAGCTGGCAGGTCTACCTCCACTCCCTGCAGCGCGTGGATGTCTCCTGC 3720
1221 T P T Q T W Q V Y L H S L Q R V D V S C 1240

Exon 27

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
3721 GTCGAGGCCAGCTGACCCGCCTGTCCCTTGTCTTCGGGGGACACAGACAGTGAGGAAA 3780
1241 V A G Q L T R L S L V L R G T Q T V R K 1260

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
3781 GTGAGAGCTTTCACCTCTCATCCCCAGGAGCTGAAGACAGACCCCAAAGGTGTCTTCGTG 3840
1261 V R A F T S H P Q E L K T D P K G V F V 1280

Exon 28

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
3841 CTGCCGCCTCGTGGGGTGCAGGACCTGCATGTTGGCGTGAGGCCCTTAGGGCCGGCAGC 3900
1281 L P P R G V Q D L H V G V R P L R A G S 1300

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
3901 CGCTTTGTCCATCTCAACCTGGTGGACGTGGATTGCCACCAGCTGGTGGCCTCCTGGCTC 3960
1301 R F V H L N L V D V D C H Q L V A S W L 1320

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
3961 GTGTGCCTCTGCTGCCGCCAGCCGCTCATCTCCAAGGCCTTTGAGATCATGTTGGCTGCG 4020
1321 V C L C C R Q P L I S K A F E I M L A A 1340

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
4021 GGCGAAGGGAAGGGTGTCAACAAGAGGATCACCTACACCAACCCCTACCCCTCCCGGAGG 4080
1341 G E G K G V N K R I T Y T N P Y P S R R 1360

Exon 29

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
4081 ACATTCCACCTGCACAGCGACCACCCGGAGCTGCTGCGGTTTCAGAGAGGACTCCTTCCAG 4140
1361 T F H L H S D H P E L L R F R E D S F Q 1380

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
4141 GTCGGGGGTGGAGAGACCTACACCATCGGCTTGCAGTTTGCGCCTAGTCAGAGAGTGGGT 4200
1381 V G G G E T Y T I G L Q F A P S Q R V G 1400

Exon 30

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
4201 GAGGAGGAGATCCTGATCTACATCAATGACCATGAGGACAAAAACGAAGAGGCATTTTGC 4260
1401 E E E I L I Y I N D H E D K N E E A F C 1420

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
4261 GTGAAGGTCATCTACCAGTGA 4281
1421 V K V I Y Q * 1426

GGGCTTGAGGGTGACGTCCTTCCTGCGGCACCCAGCTGGGGCCTGTCTGTGCCCCCTCCTG
CCCTGCAGGCTGTCTCCCGCCTCTCTGCAGCCTTTCACCTTCAGTGCCACCTGGCTGA
CCTGTGCACCTGGCTGAGGAAGCAGAGACCGAGCGCTGGTCATTTTGTAGTACCTGCATC
CAGCTTAGCTGCTGCTGACACCCAGCAGGCCTGGGTCCGTGAGCGCGAACTCCGTGGTG
GTGGGTCTGGCTCTGGTGCTGCCATCTACGCATGTGGGACCCCTCGTTATCGCTGTTGCTC
AAAATGTATTTTATGAATCATCCTAAATGAGAAAATTATGTTTTCTTACTGGATTTTGT
ACAAACATAATCTATTATTGCTATGCAATATTTTATGCTGGTATTATATCTGTTTTTTA
AATTGTTGACAAAATACTAAACTTTT

Figure 13

GACGCGAGGCGGGTTCTTGGACTGAGTGTGCGGCGGGTGCGCCGCCTTCCGAGGCTCC
TCCCGCGGGTGGCAGCGGACGGGGCGCGCCCTCGGCCAGTCTCGGTCTCAGGCTTG
TGGCTCCGTTGAGCACCGGCCCGGGCCCTCTGGGTCCGTCGAGTGGAGACTCTCTGAA
AAGCGTGGGCTCCGTGGCCTCCGGCGCGGCCGCGGGTCTCTAGATCATCCG
GGAAGCCACGGGACCCCTCAGGCGGGCAGG
-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1 ATGAACGACTGGCACAGGATCTTACCCAAAACGTGCTTGTCCCTCCCCACCCACAGAGA 60
1 M N D W H R I F T Q N V L V P P H P Q R 20
-----|-----|-----|-----|-----|-----|
61 GCGCGCCAGCCTTGAAGGAATCCACGGCATTCCAGTGTGTCTCAAGTGGCTGGACGGA 120
21 A R Q P W K E S T A F Q C V L K W L D G 40
-----|-----|-----|-----|-----|-----|
121 CCGGTAATTAGGCAGGGCGTGCTGGAGGTACTGTCAGAGGTGAATGCCATCTGCGAGTG 180
41 P V I R Q G V L E V L S E V E C H L R V 60
-----|-----|-----|-----|-----|-----|
181 TCTTTCTTTGATGTACCTACCGGCACTTCTTTGGGAGGACGTGGAACACAGTGAAG 240
61 S F F D V T Y R H F F G R T W K T T V K 80
-----|-----|-----|-----|-----|-----|
241 CCGACGAAGAGACCGCCCTCCAGGATCGTCTTTAATGAGCCCTGTATTTTACACATCC 300
81 P T K R P P S R I V F N E P L Y F H T S 100
-----|-----|-----|-----|-----|-----|
301 CTAACCAACCTCATATCGTGGCTGTGGTGAAGTGGTGTGCTGAGGGCAAGAAACGGGAT 360
101 L N H P H I V A V V E V V A E G K K R D 120
-----|-----|-----|-----|-----|-----|
361 GGGAGCCTCCAGACATTGTCTGTGGGTTTGAATTCTTCGGATCTTCAGCAACCGCCG 420
121 G S L Q T L S C G F G I L R I F S N Q P 140
-----|-----|-----|-----|-----|-----|
421 GACTCTCTATCTCTGCTTCCAGGACAAAAGGTGCGGCTGTACCATGGACCCCCAGA 480
141 D S P I S A S Q D K R L R L Y H G T P R 160
-----|-----|-----|-----|-----|-----|
481 GCCCTCTGCACCCGCTTCTCCAGGACCCCGCAGAGCAAAACAGACACATGACCTCATT 540
161 A L L H P L L Q D P A E Q N R H M T L I 180
-----|-----|-----|-----|-----|-----|
541 GAGAACTGCAGCCTGCAGTACAGCTGAAGCCACACCCGGCCCTGGAGCCTGCGTTCAC 600
181 E N C S L Q Y T L K P H P A L E P A F H 200
-----|-----|-----|-----|-----|-----|
601 CTTCTTCTGAGAACCTTCTGGTGTCTGGTCTGCAGCAGATACCTGGCCTGCTTCCAGCT 660
201 L L P E N L L V S G L Q Q I P G L L P A 220
-----|-----|-----|-----|-----|-----|
661 CATGGAGAATCCGGCGACGCTCTCCGAAAGCCTCGCCTCCAGAAGCCCATACGCGGGCAC 720
221 H G E S G D A L R K P R L Q K P I T G H 240
-----|-----|-----|-----|-----|-----|
721 TTGGATGACTTATTCTTACCCTGTACCCCTCCCTGGAGAAGTTTGAGGAAGAGCTGCTG 780
241 L D D L F F T L Y P S L E K F E E E L L 260
-----|-----|-----|-----|-----|-----|
781 GAGCTCCACGTCCAGGACCACTTCCAGGAGGGATGTGGCCCACTGGACGGTGGTGGCCCTG 840
261 E L H V Q D H F Q E G C G P L D G G A L 280
-----|-----|-----|-----|-----|-----|
841 GAGATCCTGGAGCGGCGCCTGCGTGTGGGCGTGCACAATGGTCTGGGCTTCGTGCAGAGG 900

Exon 1

Exon 2

Exon 3

Exon 4

Exon 5

Exon 6

Exon 7

Exon 8

```

281 E I L E R R L R V G V H N G L G F V Q R 300
-----|-----|-----|-----|-----|
901 CCGCAGGTCGTTGTACTGGTGCCTGAGATGGATGTGGCCTTGACGCGCTCAGCTAGCTTC 960
301 P Q V V V L V P E M D V A L T R S A S F 320
-----|-----|-----|-----|-----|
961 AGCAGGAAAGTGGTCTCCTCTTCCAAGACCAGCTCCGGGAGCCAAGCTCTGGTTTTGAGA 1020
321 S R K V V S S S K T S S G S Q A L V L R 340
-----|-----|-----|-----|-----|
1021 AGCCGCTCCGCTCCCAGAGATGGTCGGCCACCCTGCATTGCGGTTCATCTTCCAGCTG 1080
341 S R L R L P E M V G H P A F A V I F Q L 360
-----|-----|-----|-----|-----|
1081 GAGTACGTGTTTCAGCAGCCCTGCAGGAGTGGACGGCAATGCAGCTTCGGTCACCTCTCTG 1140
361 E Y V F S S P A G V D G N A A S V T S L 380
-----|-----|-----|-----|-----|
1141 TCCAACCTGGCATGCATGCACATGGTCCGCTGGGCTGTTTGAACCCCTTGCTGGAAGCT 1200
381 S N L A C M H M V R W A V W N P L L E A 400
-----|-----|-----|-----|-----|
1201 GATTCTGGAAGGGTGACCCTGCCTCTGCAGGGTGGGATCCAGCCCAACCCCTCGCACTGT 1260
401 D S G R V T L P L Q G G I Q P N P S H C 420
-----|-----|-----|-----|-----|
1261 CTGGTCTACAAGGTACCCTCAGCCAGCATGAGCTCTGAAGAGGTGAAGCAGGTGGAGTCG 1320
421 L V Y K V P S A S M S S E E V K Q V E S 440
-----|-----|-----|-----|-----|
1321 GGTACACTCCGGTTCAGTTCTCGCTGGGCTCAGAAGAACACCTGGATGCACCCACGGAG 1380
441 G T L R F Q F S L G S E E H L D A P T E 460
-----|-----|-----|-----|-----|
1381 CCTGTCAGTGGCCCCAAAGTGGAGCGGCGGCCTTCCAGGAAACACCCACGTCCCCTTCG 1440
461 P V S G P K V E R R P S R K P P T S P S 480
-----|-----|-----|-----|-----|
1441 AGCCCGCCAGCGCCAGTACCTCGAGTTCTCGCTGCCCCGAGAACTCACCTGTGGGACCA 1500
481 S P P A P V P R V L A A P Q N S P V G P 500
-----|-----|-----|-----|-----|
1501 GGGTGTCAATTTCCAGCTGGCGGCCTCCCCGCGGTCCCCGACTCAGCACTGCTTGGCC 1560
501 G L S I S Q L A A S P R S P T Q H C L A 520
-----|-----|-----|-----|-----|
1561 AGGCCTACTTCACAGCTACCCCATGGCTCTCAGGCCTCCCCGGCCAGGCACAGGAGTTC 1620
521 R P T S Q L P H G S Q A S P A Q A Q E F 540
-----|-----|-----|-----|-----|
1621 CCGTTGGAGCGCGGTATCTCCACCTGGAAGCCGACCTGAGCCAGACCTCCCTGGTCCTG 1680
541 P L E A G I S H L E A D L S Q T S L V L 560
-----|-----|-----|-----|-----|
1681 GAAACATCCATTGCCGAACAGTTACAGGAGCTGCCGTTACGCCTTTGCATGCCCCTATT 1740
561 E T S I A E Q L Q E L P F T P L H A P I 580
-----|-----|-----|-----|-----|
1741 GTTGTGGGAACCCAGACCAGGAGCTCTGCAGGGCAGCCCTCGAGAGCTCCATGGTGCTC 1800
581 V V G T Q T R S S A G Q P S R A S M V L 600
-----|-----|-----|-----|-----|
1801 CTGCAGTCTCCGGCTTTCCCGAGATTCTGGATGCCAATAAACAGCCAGCCGAGGCTGTC 1860
601 L Q S S G F P E I L D A N K Q P A E A V 620
-----|-----|-----|-----|-----|
1861 AGCGCTACAGAACCTGTGACGTTTAACCCTCAGAAGGAAGAATCAGATTGTCTACAAAGC 1920
621 S A T E P V T F N P Q K E E S D C L Q S 640
-----|-----|-----|-----|-----|

```

Exon 9

Exon 10

Exon 11

Exon 12

Exon 13

Exon 14

Exon 15

1921 AACGAGATGGTGCTACAGTTTCTTGCCTTTAGCAGAGTGGCCCAGGACTGCCGAGGAACA 1980
641 N E M V L Q F L A F S R V A Q D C R G T 660

Exon 16

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
1981 TCATGGCCAAAGACTGTGTATTTCACCTTCCAGTTCTACCGCTTCCCACCCGCAACGACG 2040
661 S W P K T V Y F T F Q F Y R F P P A T T 680

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2041 CCACGACTGCAGCTGGTCCAGCTGGATGAGGCCGGCCAGCCAGCTCTGSCGCCCTGACC 2100
681 P R L Q L V Q L D E A G Q P S S G A L T 700

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2101 CACATCCTCGTGCCTGTGAGCAGAGATGGCACCTTTGATGCTGGGTCTCCTGGCTTCCAG 2160
701 H I L V P V S R D G T F D A G S P G F Q 720

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2161 CTGAGGTACATGGTGGGCCCTGGGTTCCCTGAAGCCAGGTGAGCGGCGCTGCTTTGCCCGC 2220
721 L R Y M V G P G F L K P G E R R C F A R 740

Exon 17

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2221 TACCTGGCCGTGCAGACCCTGCAGATTGACGTCTGGGACGGAGACTCCCTGCTGCTCATC 2280
741 Y L A V Q T L Q I D V W D G D S L L L I 760

-----|-----|-----|-----|-----|-----|
2281 GGATCTGCTGCCGTCCAGATGAAGCATCTCCTCCGCCAAGGCCGGCCGGCTGTGCAGGCC 2340
761 G S A A V Q M K H L L R Q G R P A V Q A 780

-----|-----|---F622|G2368T---|-----|-----|
2341 TCCCACGAGCTTGAGGTCGTGGCAACTTAA
781 S H E L E V V A T X

Exon 18

Figure 14

Nucleotide sequence:

```

1  gggtgctccc gggtgctaag aagactatga acaagtcaga gaacctgctg tttgctgggt
61  catcattagc atcacaagtc catgctgctg ccgttaatgg agataagggg gctctacaga
121 ggctcatcgt aggaaactct gctcttaaag acaaagaaga tcagtttggg agaacaccac
181 ttatgtattg cgtgttggct gacagattgg attgtgcaga tgctcttctg aaggcaggag
241 cagatgtgaa taaaactgac catagccaga gaacagccct ccatcttgca gcccagaagg
301 gaaattatcg tttcatgaaa ctcttactta cacgcagagc aaactggatg caaaaggatc
361 tggaagagat gactcctttg cacttgacca cccggcacag gagccctaag tgtttggcac
421 ttctgctgaa gtttatggca ccaggagaag tggatacaca ggataaaaaa aagcaaacag
481 ctctgcattg gagtgcttac tacaataacc ctgagcatgt gaagctgctc atcaagcatg
541 attctaacat tgggattcct gatgttgaa gcaagatccc acttcactgg gcagccaacc
601 ataaagatcc aagtgtgtgt cacacagtga gatgcattct ggatgctgct ccaacagagt
661 ctttactgaa ctggcaagac tacgaggggc gaactcctct tcactttgca gttgctgatg
721 ggaatgtgac cgtggttgat gtcttgacct catatgaaag ctgcaatata acgtcttatg
781 ataacttatt tcgaacccca ctgcactggg cagctttatt aggccatgca cagattgtcc
841 atctcctttt agaaaagaaat aagtctggaa ctatcccatc tgacagccaa ggagccacac
901 ctttgacta tgctgctcag agtaactttg ctgaaacggg taaagtgttt taaaaacatc
961 cttcagtga agatgattca gacctggaag gaagaacatc ctttatgtgg gcagctggca
1021 aaggcagtga tgatgtcctt agaactatgc tgagcttaaa atcggacata gatattaaca
1081 tggctgacaa atatggagggt acagctttgc atgctgctgc tctttctggc catgtcagca
1141 ccgtgaagtt attactggaa aataatgctc aagtagatgc tactgatgtt atgaaacata
1201 ctccactttt ccgagcctgt gagatgggac acaaagatgt gattcagaca ctcattaaag
1261 gtggagcaag ggtagatcta gttgaccaag atggacattc tcttctacat tgggcagcac
1321 tgggaggaaa tgctgatgtt tgccagatat taatagaaaa taagatcaat ccaaagtcc
1381 aggattatgc aggaagaacc cctttgcagt gtgcagcata tggaggctat atcaactgca
1441 tggcagttct catggaaaac aatgcagacc ctaacattca agacaaagag ggaagaacag
1501 ctttgcatgt gtcctgcaac aatggatacc ttgatgcat taaattactg ctgacttttg
1561 tgcttttccc taatcagatg gaaaacaatg aagagagata cacaccctt gattatgctt
1621 tgcttggta gcgccatgaa gtgatccagt tcatgttggg gcacgggtgc ctgtccatcg
1681 cagccataca agacatcgcc gccttcaaaa tccaagctgt ctacaaaggg tacaaggcca
1741 gaaaagcctt ccgagacagg aaaaatctcc tcatgaagca tgaacagttg agaaaagatg
1801 ctgctgccaa aaagcgagag gaagaaaaca aacgaaaaga ggcagaacag caaaaaggaa
1861 ggcgagagccc agattcctgc agaccccagg cccttccctg tctgcctagc acccaggatg
1921 tgcccagcag gcagagccgg gccccagca agcagcctcc tgctggcaac gtggcccaag
1981 gccctgagcc aagagacagc agaggatctc caggagggtc tctaggcgga gccctccaga
2041 aggagcagca tgtttcctca gatgtgcagg gaacaaactc cagaaggcca aatgaaacag
2101 ccagagaaca ttctaaaggc caatctgctt gtgtccactt cagaccaat gaaggcagtg
2161 atggaagcag gcatccagga gttccctctg ttgagaagtc cagaggtgag acagctggcg
2221 atgagcggtg tgcaaagggg aaagggttctg tgaagcagcc ctctgtatc aggggtggctg
2281 ggctgatga gaaaggagag gactccaggc gggcaggtgc aagccttcca ccgcacgata
2341 gccactggaa gccagcagg cgcatgaca cagaacccaa ggccaaatgt gccccccaga
2401 aaaggcgcac tcaagagctc agaggaggaa ggtgctctcc ggctggttct agccgccctg
2461 gcagtgcccg gggggaggcg gtccatgctg ggcagaatcc tccccaccat cgtacaccaa
2521 gaaacaaagt gacacaagcc aagctcacag gagggtctca ttcacatttg ccacagagca
2581 cagaggagtt gaggtcagga gctaggaggc tggagacatc tacctgtcc gaggactttc
2641 aggtatctaa ggagactgat ccagcacctg gtccccctctc tgggcagagt gtgaatattg
2701 accttctccc cgtagagctc cgactgcaga taattcagag agaacgaagg aggaaggagc
2761 tgtttcgcaa aaagaacaag gcagcagcag tcatccagcg cgctggcgga agctaccagc
2821 tcaggaagca cctgtcccac cttcggcata tgaagcagct tggagctgga gatgtggaca
2881 gatggaggca agagtctaca gcattgctcc tccagggttg gaggaaggaa ctggaactaa
2941 aattccccca aaccactgca gtaagcaagg cccccaagag tccatccaag ggcacctcag
3001 gcacaaagtc caccaagcac tcagtgtcta agcaaatac tgggtgttct cacgaaggga

```



```

3061 aaatacatca tcctacaaga tctgtaaaag cctcttctgt gctgcgtctc aactcagtga
3121 gcaacctaca gtgtatacat ctcccttgaga acagtggaag atcaaagaac ttttcttata
3181 acctgcaatc agctactcag ccaaaaaaca aaacaaaacc ttgactgcct atggaggaag
3241 actgtgttcg ggggagctgg catagctagt gcagagttca gattttctgc tgataatctt
3301 ttacaccttg ggaaaaacttt aatatccgta cctgaaggct gattcaccta aaaatgtgtt
3361 aactgaaaga aaatgtcaga atgtttcctt tctgctctta cacagcattg ttttgtcaat
3421 caacacagcc tgcactgaaa ggacctgcat agactatgtc tgtgcaaagt gcctgagtgt
3481 ctgctttcac ctcagtctgt acagttggaa atgagaattc ataattaaca gcaaaatcta
3541 aggaaaacta aaataaaa

```

Amino acid sequence:

```

MNKSENLLFAGSSLASQVHAAVNGDKGALQRLIVGNSALKDKE
DQFGRTPLMYCVLADRLDCADALLKAGADVNKTDHSQRTALHLAAQKGNYRFMKLLLT
RRANWMQKDLEEMTPLHLTTRHRSPKCLALLLKFMAPGEVDTQDKNKQTALHWSAYYN
NPEHVKLLIKHDSNIGIPDVEGKIPLHWAANH KDPSAVHTVRCILDAAPTESLLNWQD
YEGRTPLHFAVADGNVTVDVLTSYESCNITSYDNLFRTPHLHWAALLGHAQIVHLLLE
RNKSGTIPSDSQGATPLHYAAQSNFAETVKVFLKHPSVKDDSDLEGRTSFMWAAGKGS
DDVLRTMLSLKSDIDINMADKYGGTALHAAALSGHVSTVKLLLENNAQVDATDVMKHT
PLFRACEMGHKDVIIQTIIKGGARVDLVDQDGHSLHWAALGGNADVQCILIIENKINPN
VQDYAGRTPLQCAAYGGYINCMAVLMENNADPNIQDKEGRTALHWS CNNGYLDAIKLL
LDFAAFPQNQMENNEERYTPLDYALLGERHEVIQFMLEHGALSIAAIQDIAAFKIQAVY
KGYKVRKAFRDRKNLLMKHEQLRKDAAAKKREENKRKEAEQQKGRRSPDSCR PQALP
CLPSTQDVPSRQSRAPSKQPPAGNVAQGPEPRDSRGSPGGS LGGALQKEQHVSSDLQG
TNSRRPNETAREHSGQSACVHFRPNEGSDGSRHPGVPSVEKSRGETAGDERCAKGKG
FVKQPSCIRVAGPDEKGEDSRRAGASLPPHDSHWKPSRRHDTEPKAKCAPQKRRTQEL
RGGRCSPAGSSRPGSARGEAVHAGQNPPHRTPRNKVTQAKLTGGLYSHLPQSTEELR
SGARRLETSTLSEDFQVSKETDPAPGPLSGQSVNIDLLPVELRLQIIQRERRRKELFR
KKNKAAAVIQRAWRSYQLRKHLSHLRHMKQLGAGDVDRWRQESTALLLQVWRKELELK
FPQTTAVSKAPKSPSKGTSGTKSTKHSVLKQIYGCSHECKIHHPTRSVKASSVLRLNS
VSNLQCIHLLENSGRSKNFSYNLQSATQPKNKTKP

```

Figure 15

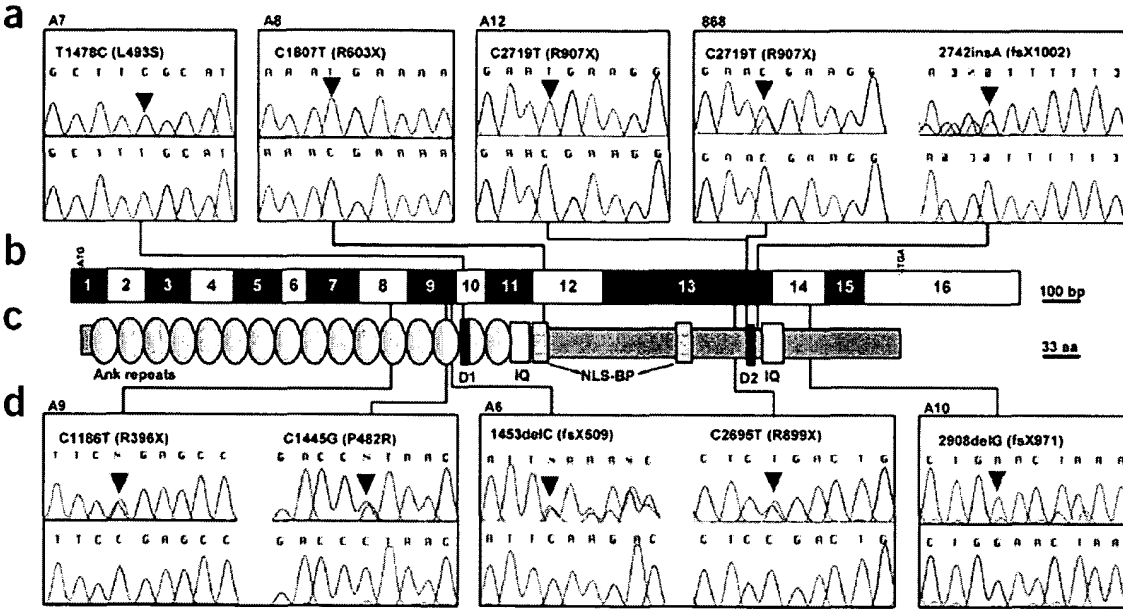


Figure 16

Nucleotide sequence:

C2695T

Amino Acid sequence:

R899X

Figure 17

Nucleotide sequence:

1453delC

Amino Acid sequence:

Q485fsX509

Figure 18

Nucleotide sequence:

C1807T

Amino Acid sequence:

R603X

Figure 19

Nucleotide sequence:

C1186T

Amino Acid sequence:

R396X

Figure 20

Nucleotide sequence:

C1445G

Amino Acid sequence:

P482R

Figure 21

Nucleotide sequence:

2908delG

Amino Acid sequence:

E970fsX971

Figure 22

Nucleotide sequence:

C2719T

Amino Acid sequence:

R907X

Figure 23

Nucleotide sequence:

C2719T

Amino Acid sequence:

R907X

Figure 24

Nucleotide sequence:

2747insA

Amino Acid sequence:

K916fsX1002

Figure 25

Nucleotide sequence:

T1478C

Amino Acid sequence:

L493S

Figure 26

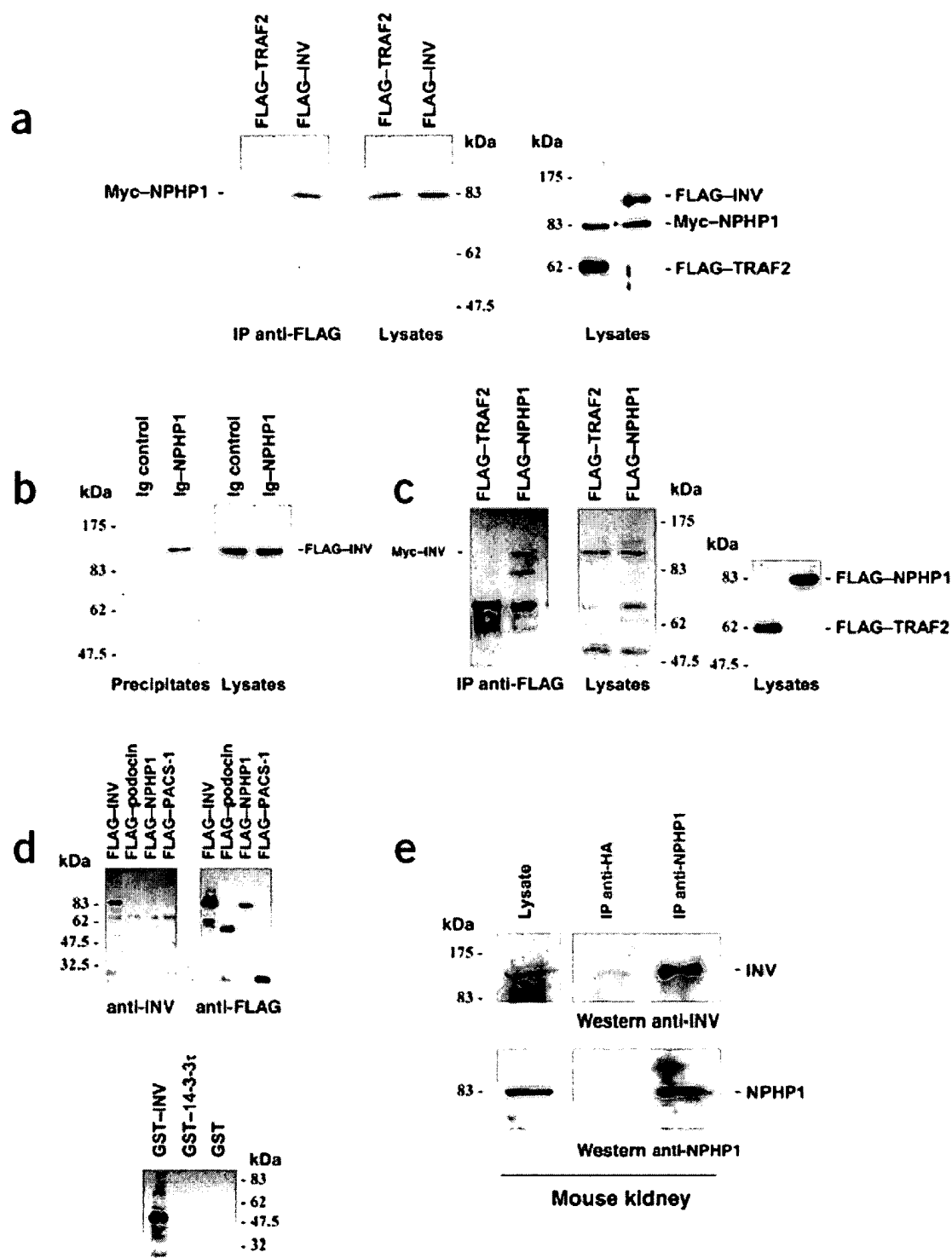


Figure 27

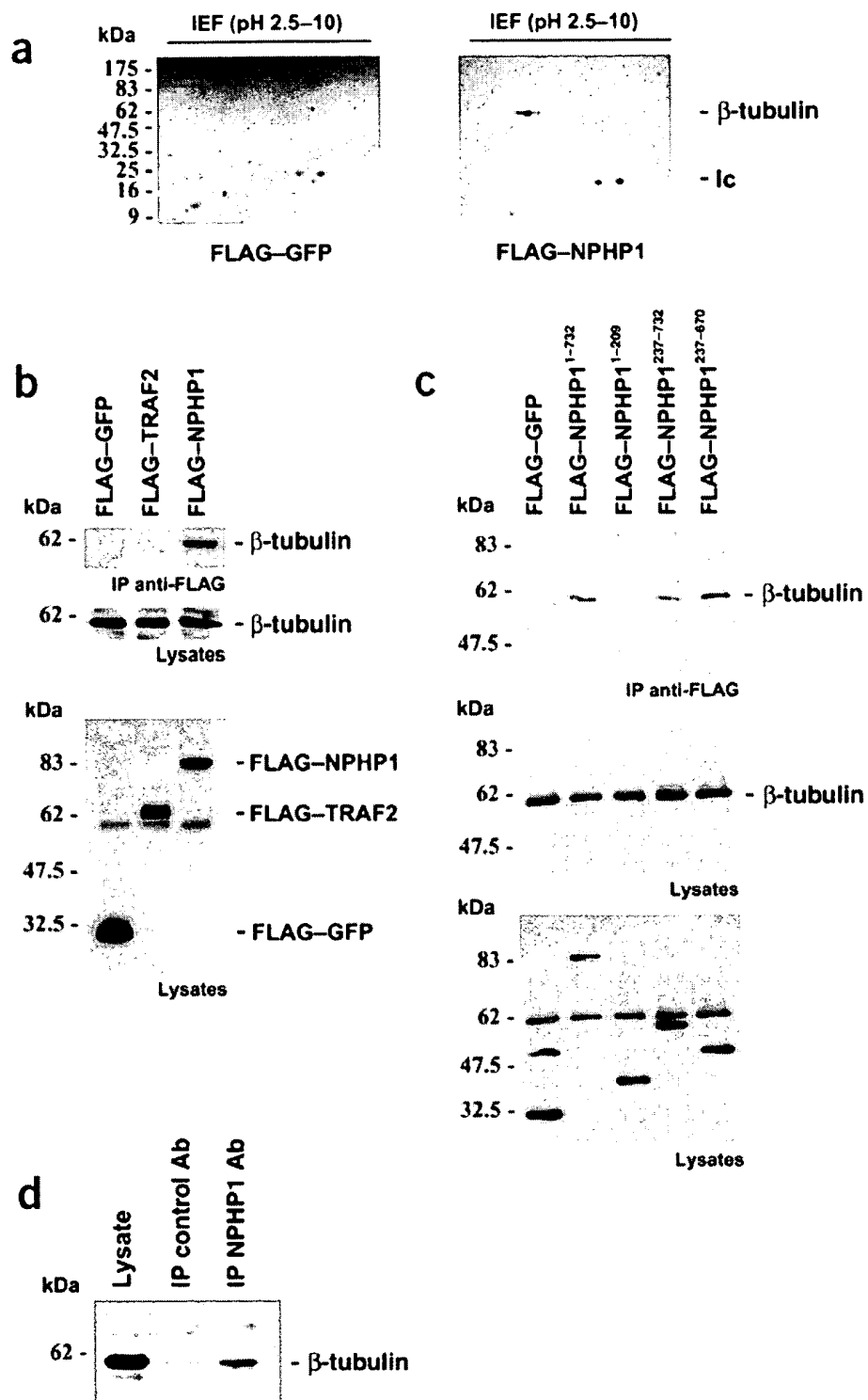


Figure 28

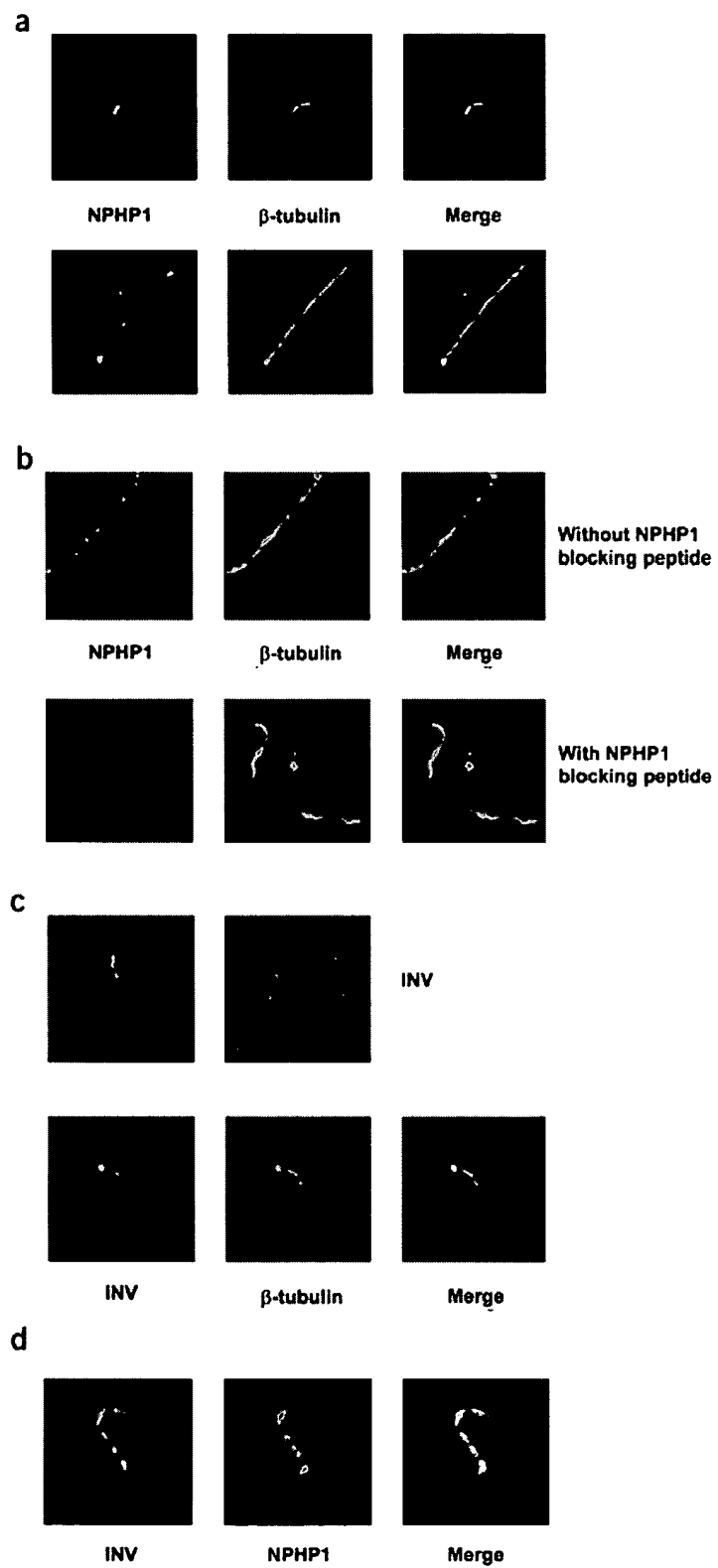


Figure 29

